

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum  
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum  
14. Dezember 2000 (14.12.2000)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer  
**WO 00/75308 A1**

(51) Internationale Patentklassifikation: C12N 15/12, C07K 14/435, C12N 15/62

(30) Angaben zur Priorität: 199 26 068.0 8. Juni 1999 (08.06.1999) DE

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE00/01873

(71) Anmelder und

(22) Internationales Anmeldedatum: 8. Juni 2000 (08.06.2000)

(72) Erfinder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von US): SKERRA, Arne [DE/DE]; Max-Lehner-Str. 18, D-85354 Freising (DE).

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(72) Erfinder; und

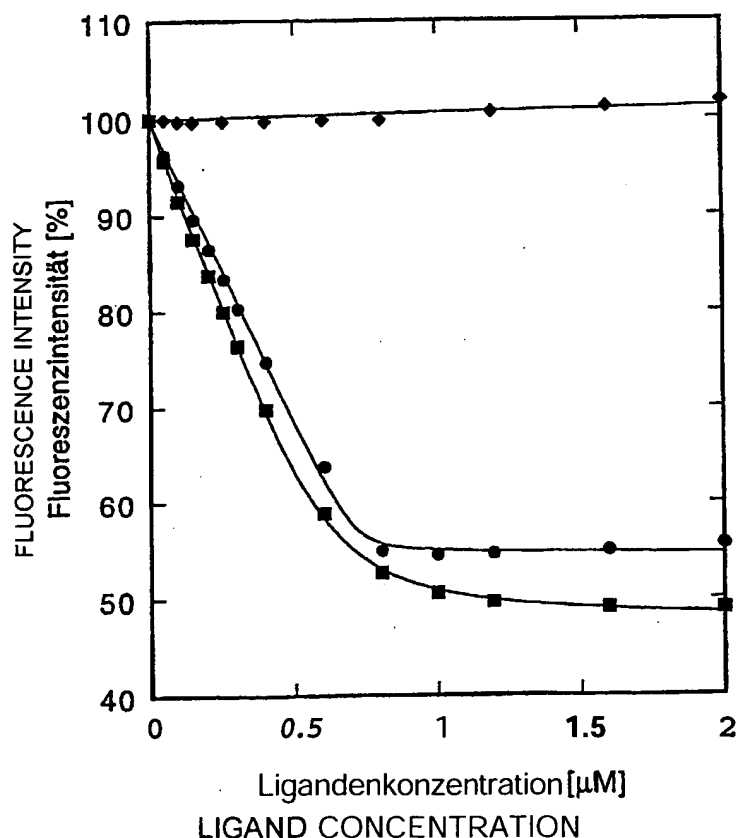
(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SCHLEHUBER, Stefan [DE/DE]; Murstr. 21, D-85356 Freising (DE).

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

(54) Title: MUTEINS OF BILIN-BINDING PROTEIN

(54) Bezeichnung: MUTEINE DES BILIN-BINDUNGSPROTEINS



(57) Abstract: The invention relates to muteins of bilin-binding protein with a binding ability to digoxigenin and the fusion proteins of said muteins, a method for preparing said muteins and fusion proteins thereof and to their utilization for detecting or binding digoxigenin-labeled biomolecules. The invention especially relates to a polypeptide selected from the muteins of the bilin-binding protein, which is characterized in that (a) it can bind digoxigenin or digoxigenin conjugates; (b) it does not bind ouabain, testosterone and 4-aminofluorescein (c) at least one of the sequence positions 28, 31, 34, 35, 36, 37, 58, 60, 69, 88, 90, 95, 97, 114, 116, 125 and 127 of the bilin-binding protein has an amino acid substitution. Due to their simple molecular structure, the inventive muteins provide advantages for production and utilization in comparison with antibodies against the digoxigenin group.

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

WO 00/75308 A1



(74) Anwalt: **VIERING, JENTSCHURA & PARTNER**;  
Steinsdorfstr. 6, D-80538 München (DE).

Veröffentlicht:

- Mit internationalem Recherchenbericht.
- Vor Ablauf der für Änderungen der Ansprüche geltenden Frist; Veröffentlichung wird wiederholt, falls Änderungen eintreffen.

(81) Bestimmungsstaaten (national): AU, CA, JP, US.

(84) Bestimmungsstaaten (regional): europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes, und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

(57) Zusammenfassung: Die Erfindung bezieht sich auf Muteine des Bilin-Bindungsproteins mit Bindungsfähigkeit für Digoxigenin sowie Fusionsproteine solcher Muteine, Verfahren zur Herstellung derartiger Muteine und ihrer Fusionsproteine sowie deren Verwendung zum Nachweis oder zur Bindung von mit Digoxigenin markierten Biomolekülen. Insbesondere betrifft die Erfindung ein Polypeptid, ausgewählt aus Muteinen des Bilin-Bindungsproteins, welches dadurch gekennzeichnet ist, dass es (a) Digoxigenin oder Konjugate des Digoxigenins zu binden vermag, (b) Ouabain, Testosteron und 4-Aminofluorescein nicht bindet und (c) an mindestens einer der Sequenzpositionen (28, 31, 34, 35, 36, 37, 58, 60, 69, 88, 90, 95, 97, 114, 116, 125 und 127) des Bilin-Bindungsproteins eine Aminosäuresubstitution aufweist. Aufgrund ihres einfachen molekularen Aufbaus weisen der erfindungsgemässen Muteine bei Herstellung und Verwendung Vorteile im Vergleich zu Antikörpern gegen die Digoxigenin-Gruppe auf.

Muteine des Bilin-Bindungsproteins

Die vorliegende Erfindung betrifft Muteine des Bilin-Bindungsproteins mit Bindungsfähigkeit für Digoxigenin sowie Fusionsproteine solcher Muteine, Verfahren zur Herstellung derartiger Muteine und ihrer Fusionsproteine sowie deren Verwendung zum Nachweis oder zur Bindung von mit Digoxigenin markierten Biomolekülen.

Die Digoxigenin-Gruppe ist ein heute in der Molekularbiologie weit verbreitetes Instrument für den nichtradioaktiven Nachweis von Nukleinsäuren, Proteinen und anderen Biomolekülen. Zu diesem Zweck wird das Biomolekül mit einem reaktiven Derivat des Digoxigenins meist kovalent modifiziert, was den anschließenden Nachweis des Moleküls mit einem gegen die Digoxigenin-Gruppe gerichteten Antikörper, bzw. einem Konjugat aus einem entsprechenden Antikörperfragment und einem Reporterenzym, gemäß in der Biochemie allgemein üblichen Methoden gestattet.

Dem Fachmann sind eine ganze Reihe von reaktiven Digoxigeninderivaten bekannt, die teilweise auch kommerziell erhältlich sind. Beispielsweise eignen sich Digoxigenin-3-O-methylcarbonyl- $\epsilon$ -aminocapronsäure-N-hydroxy-succinimidester (DIG-NHS), Digoxigenin-3-O-succinyl- $\epsilon$ -aminocapronsäure-N-hydroxysuccinimidester und 3-Amino-3-desoxydigoxigenin-hemisuccinamid-succinimidylester zur kovalenten Kopplung mit Proteinen, insbesondere mit den Aminogruppen von exponierten Lysinseitenketten. Mit 3-Iodacetyl-amino-3-desoxydigoxigenin lassen sich vor allem Thiolgruppen in Proteinen oder anderen Biomolekülen selektiv mit der Digoxigenin-Gruppe markieren. Synthetische Oligodesoxy-nukleotide können mit denselben reaktiven Digoxigeninderivaten gekoppelt werden, sofern sie im Verlauf der Synthese mit geeigneten freien Amino- oder Thiolgruppen versehen wurden.

Zur direkten Markierung von Nukleinsäuren eignen sich zudem cis-Platinkomplexe von Digoxigeninderivaten (DIG Chem-Link

- Reagent) oder Carbodiimidgruppen enthaltende Digoxigeninderivate (offenbart in der europäischen Patentveröffentlichung EP 0 806 431 A2). Alternativ ist es im Fall von Desoxyribonukleinsäuren möglich, diese im Verlauf
- 5 einer matrizenabhängigen enzymatischen Synthese unter Zuhilfenahme einer DNA-Polymerase und eines mit der Digoxigeningruppe gekoppelten Desoxynukleosidtriphosphats, z.B. Digoxigenin-11-dUTP, Digoxigenin-11-ddUTP oder Digoxigenin-16-dATP, zu markieren. Analog eignet sich Digoxigenin-11-UTP zum
- 10 Einbau in enzymatisch synthetisierte RNA. Darüber hinaus können Oligodesoxynukleotide direkt bei der automatisierten DNA-Synthese unter Einsatz geeigneter aktivierter Bausteine, z.B. sogenannter "Virtual Nucleotides", mit der Digoxigeningruppe markiert werden. Derartige mit der Digoxigeningruppe gekoppelte
- 15 Nukleinsäuren eignen sich als nichtradioaktive Sonden zum Nachweis komplementärer Nukleotidsequenzen durch Hybridisierung, z.B. in Northern oder Southern Blots (offenbart in der europäischen Patentveröffentlichung EP 0 324 474 A1).
- 20 Mit der Digoxigeningruppe markierte Proteine oder Glycoproteine sind insbesondere von Nutzen, um beispielsweise entsprechende Antigene bzw. dagegen gerichtete Antikörper in immunochemischen Testverfahren wie ELISA (Enzyme-Linked Immunosorbent Assay) zu bestimmen. Der eigentliche Nachweis des mit der
- 25 Digoxigeningruppe konjugierten Biomolekuls erfolgt normalerweise mit einem gegen Digoxigenin gerichteten Antikörper, in der Regel in der Form eines Konjugats aus dem Fab-Fragment dieses Antikörpers mit einem geeigneten Enzym, wie z.B. der Alkalischen Phosphatase oder der Meerrettich-
- 30 Peroxidase, als Markierung. Die enzymatische Aktivität dient anschließend zur Quantifizierung durch Katalyse einer chromogenen, fluorogenen oder chemolumineszenten Reaktion. Verschiedene Antikörper gegen die Digoxigeningruppe sind bekannt (Mudgett-Hunter et al., J. immunol. 129 (1982), 1165-
- 35 1172; Jeffrey et al., J. Mol. Biol. 248 (1995), 344-360).

Die Verwendung von Antikörpern hat jedoch mehrere Nachteile. So ist die Herstellung von monoklonalen Antikörpern in Hybridom-

zellkulturen aufwendig, und die Proteolyse zum Fab-Fragment sowie die Produktion von Konjugaten mit Reporterenzymen erfordert zusätzliche schwierige Verfahrensschritte. Aber selbst die gentechnische Gewinnung von Antikörpern ist nicht  
5 einfach, was hauptsächlich darin begründet ist, daß sich Antikörper wie auch deren antigenbindende Fragmente in strukturell komplizierter Weise aus zwei verschiedenen Polypeptidketten zusammensetzen. Bei der gentechnischen Manipulation von Antikörpern müssen deshalb zwei Gene  
10 gleichzeitig gehandhabt werden. Außerdem ist die Ausbeute an korrekt gefalteten Antikörperfragmenten bei deren gentechnischer Produktion häufig gering. Wie dem Fachmann bekannt ist, gilt dies umso mehr, wenn rekombinante Fusionsproteine aus Fab-Fragmenten von Antikörpern und Enzymen  
15 hergestellt werden sollen.

Der Erfindung lag deshalb die Aufgabe zugrunde, alternative Polypeptid-Reagenzien zum Nachweis der Digoxigeningruppe zu entwickeln, welche sich auf einfache Weise produzieren lassen.

20 In einem evolutiven Forschungsansatz wurde nun überraschenderweise festgestellt, daß sich Muteine des strukturell aus einer einzigen Polypeptidkette aufgebauten Bilin-Bindungsproteins (Schmidt und Skerra, Eur. J. Biochem.  
25 219 (1994), 855-863) eignen, um die Digoxigeningruppe durch Bindung mit hoher Affinität nachzuweisen, wobei die Erkennung des Digoxigenins erstaunlich selektiv gegenüber anderen Steroiden erfolgt.

30 Ein Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist somit ein Polypeptid, ausgewählt aus Muteinen des Bilin-Bindungsproteins, welches dadurch gekennzeichnet ist, daß es  
(a) Digoxigenin oder Konjugate des Digoxigenins zu binden vermag,  
35 (b) Ouabain, Testosteron und 4-Aminofluorescein nicht bindet und  
(c) an mindestens einer oder Sequenzpositionen 28, 31, 34, 35, 36, 37, 58, 60, 69, 88, 90, 95, 97, 114, 116, 125 und 127

Bilin-Bindungsproteins eine Aminosäuresubstitution aufweist.

- Bevorzugt sind dabei Digoxigenin bindende Muteine, die an  
zumindest 4 bis 7 oder vorzugsweise zumindest 8 bis 12 der  
vorstehend definierten Sequenzpositionen eine  
Aminosäuresubstitution aufweisen. Ein besonders bevorzugtes  
Mutein ist das Polypeptid, das die in SEQ ID NO. 15  
dargestellte Aminosäuresequenz besitzt.
- 10 Außerhalb des Bereichs der Aminosäurepositionen 28, 31, 34, 35,  
36, 37, 58, 60, 69, 88, 90, 95, 97, 114, 116, 125 und 127  
können die Muteine der vorliegenden Erfindung der  
Aminosäuresequenz des Bilin-Bindungsproteins aus *Pieris*  
*brassicae* entsprechen. Andererseits kann die Aminosäuresequenz  
15 der erfindungsgemäßen Polypeptide auch außerhalb der genannten  
Positionen Unterschiede zum Bilin-Bindungsprotein aufweisen.  
Derartige Varianten der Sequenz des Bilin-Bindungsproteins  
umfassen natürlich vorkommende sowie künstlich erzeugte  
Varianten, und unter den Abweichungen werden Substitutionen,  
20 Insertionen, Deletionen von Aminosäureresten sowie N- und/oder  
C-terminale Additionen verstanden.
- Z. B. können die erfindungsgemäßen Muteine des Bilin-  
Bindungsproteins Aminosäuresubstitutionen aufweisen, welche  
25 eine Oligomerisierung des Bilin-Bindungsproteins vermeiden, wie  
die Substitution Asn(1)->Asp, oder um eine proteolytische  
Spaltung innerhalb der Polypeptidkette zu unterdrücken, die bei  
der Produktion in *E. coli* auftreten kann, z.B. durch die  
Substitution Lys(87)->Ser. Weiterhin können in die für die  
30 Muteine des Bilin-Bindungsproteins kodierende Nukleinsäure die  
Mutationen Asn(21)->Gln und Lys(135)->Met eingeführt werden, um  
beispielsweise die Klonierung eines Genabschnitts über zwei  
neue BstXI-Restriktions-schnittstellen an diesen Positionen zu  
erleichtern. Ebenso betrifft die vorliegende Erfindung die  
35 gezielte Einführung von Aminosäuresubstitutionen innerhalb oder  
außerhalb der genannten Positionen, um ganz allgemein bestimmte  
Eigenschaften des erfindungsgemäßen Muteins zu verbessern, z.B.  
seine Faltungsstabilität oder -effizienz oder seine

Widerstandsfähigkeit gegenüber Proteasen.

- Die Fähigkeit der erfindungsgemäßen Polypeptide, Digoxigenin oder Konjugate des Digoxigenins zu binden, kann durch übliche  
5 Verfahren, z.B. ELISA, Fluoreszenztitration, Titrationskalorimetrie, Oberflächen-Plasmonresonanzmessungen oder Blotting-Verfahren, beispielsweise Western-Blotting, Southern-Blotting oder Northern-Blotting, bestimmt werden. Blotting-Methoden können verwendet werden, um Konjugate des Digoxigenins  
10 mit Proteinen oder Nukleinsäuren auf eine Membran zu transferieren und diese anschließend mit einem der erfindungsgemäßen Muteine, einem Konjugat dieses Muteins oder einem Fusionsprotein dieses Muteins nachzuweisen.
- 15 Eine quantitative Kenngröße für die Bindungsaffinität liefern etablierte thermodynamische Parameter, wie etwa die Affinitätskonstante oder die Dissoziationskonstante für den Komplex aus dem Mutein und dem gebundenen Liganden, z.B. Digoxigenin. Aber auch eine qualitative Bestimmung der  
20 Bindungsfähigkeit ist möglich, z.B. anhand der Intensität eines Bindungssignals aufgrund einer chromogenen Reaktion bzw. eines Farbniederschlags, welcher mit Hilfe einer der genannten Blotting-Methoden erhalten wird.
- 25 Bevorzugte erfindungsgemäße Muteine sind in einem zweistufigen evolutiven Prozeß erhaltlich. Die Zufallsmutagenese des Bilin-Bindungsproteins an mindestens einer, bevorzugt an zumindest 4 bis 7, und besonders bevorzugt an zumindest 8 bis 12 der  
30 Sequenzpositionen 28, 31, 34, 35, 36, 37, 58, 60, 69, 88, 90, 95, 97, 114, 116, 125 und 127 und die nachfolgende einfache oder vorzugsweise wiederholte Selektion von Muteinen mit Affinität zur Digoxigenin-Gruppe aus dieser Bibliothek, wobei vorzugsweise freies Digoxigenin oder Digitoxin zur  
35 kompetitiven Anreicherung verwendet wird, liefert Muteine des Bilin-Bindungsproteins, die die Digoxigenin-Gruppe erkennen, wobei aber die Affinität noch vergleichsweise niedrig ist. Die erneute Mutagenese eines solchen Muteins an zumindest einer, vorzugsweise zumindest 3 oder 4, oder an allen der

- Aminosäurepositionen 28, 31, 34, 35, 36 und 37, nun gefolgt von einer einfachen oder vorzugsweise wiederholten Anreicherung durch Komplexbildung mit der Digoxigeningruppe und anschließender Dissoziation des gebildeten Komplexes im sauren oder basischen Milieu, führt daraufhin zur Gewinnung von Muteinen mit wesentlich höherer Affinität zur Digoxigeningruppe. Bei dieser Anreicherung liegt die Digoxigeningruppe vorzugsweise als Digoxigenin/Biotin-Doppelkonjugat vor.
- Überraschenderweise wurde nun gefunden, daß die Affinitatskonstante zwischen solchen erfindungsgemagen Polypeptiden und Digoxigenin mindestens  $10^7 \text{ M}^{-1}$  beträgt. Anders ausgedrückt heist dies, daß die Dissoziationskonstante des Komplexes aus dem erfindungsgemagen Polypeptid und Digoxigenin 100 nM oder kleiner ist. Einzelne Exemplare zeigen sogar Dissoziationskonstanten von 35 nM oder kleiner, wie in den Beispielen ausgeführt ist.
- Neben dem Digoxigenin können von den erfindungsgemäßen Muteinen des Bilin-Bindungsproteins auch Derivate des Digoxigenins als Ligand gebunden werden, z.B. Digoxin, Digitoxin oder Digitoxigenin. Weiterhin können Konjugate dieser chemischen Verbindungen, d. h. mit Digoxigenin, Digoxin, Digitoxin oder Digitoxigenin kovalent oder über einen Metallkomplex verknüpfte Nukleinsäuren, Polypeptide, Kohlenhydrate, andere natürliche oder synthetische Biomoleküle, Makromoleküle oder niedermolekulare Verbindungen, von den erfindungsgemäßen Muteinen des Bilin-Bindungsproteins gebunden werden.
- Vorzugsweise werden zur Herstellung solcher Konjugate die dem Fachmann bekannten reaktiven Derivate von Digoxigenin, Digoxin, Digitoxin oder Digitoxigenin eingesetzt, wie sie beispielsweise weiter oben angegeben sind.
- Bevorzugte erfindungsgemäße Muteine, welche durch den beschriebenen zweistufigen Prozeß gewonnen wurden, zeigen im Vergleich zu Digoxigenin eine noch höhere Affinität zu Digitoxin oder Digitoxigenin, deren Steroidsystem sich bloß



durch das Fehlen einer Hydroxygruppe von dem des Digoxigenins unterscheidet. Überraschenderweise zeigen diese Muteine eine ausgeprägte Spezifität in Bezug auf die Digoxigenin- bzw. Digitoxigenin-Gruppe, was sich darin ausdrückt, daß andere Steroide oder Steroidgruppen wie Ouabain oder Testosteron mit sehr viel geringerer Affinität, falls überhaupt, gebunden werden. Auch Derivate des Fluoresceins, wie 4-Aminofluorescein, werden offensichtlich nicht gebunden. Damit ist gemeint, daß Ouabain, Testosteron oder 4-Aminofluorescein jeweils eine Dissoziationskonstante von mindestens 10  $\mu\text{M}$ , bevorzugt mindestens 100  $\mu\text{M}$ , gegenüber den erfindungsgemäßen Muteinen des Bilin-Bindungsproteins aufweisen.

In dieser Spezifitätseigenschaft unterscheiden sich diese Muteine erheblich von anderen Muteinen des Bilin-Bindungsproteins sowie von gegen die Digoxigenin-Gruppe gerichteten Antikörpern, wie z.B. dem Antikörper 26-10 (Chen et al., Protein Eng. 12 (1999), 349-356), welcher Ouabain mit beträchtlicher Affinität bindet, was den erfindungsgemäßen Muteinen des Bilin-Bindungsproteins einen besonderen Vorteil verleiht. Es ist überraschend, daß gerade die zusätzlichen Aminosäuresubstitutionen an den Positionen 28, 31, 34, 35, 36 und 37 zu den bevorzugten Muteinen des Bilin-Bindungsproteins führen. Bevorzugt sind daher solche Muteine, die mindestens eine, vorzugsweise mindestens 3 oder 4 oder alle der Aminosäuresubstitutionen Glu(28)->Gln, Lys(31)->Ala, Asn(34)->Asp, Ser(35)->His, Val(36)->Ile und Glu(37)->Thr tragen.

Besonders bevorzugte erfindungsgemäße Muteine tragen mindestens eine, mindestens 4 bis 7, oder vorzugsweise mindestens 8 bis 12 der Aminosäuresubstitutionen ausgewählt aus Glu(28)->Gln, Lys(31)->Ala, Asn(34)->Asp, Ser(35)->His, Val(36)->Ile, Glu(37)->Thr, Asn(58)->Arg, His(60)->Ser, Ile(69)->Ser, Leu(88)->Tyr, Tyr(90)->Ile, Lys(95)->Gln, Asn(97)->Gly, Tyr(114)->Phe, Lys(116)->Ser, Gln(125)->Met und Phe(127)->Leu im Vergleich zum Bilin-Bindungsprotein. Bei der gewählten Schreibweise ist jeweils zunächst die Aminosäure in dem natürlichen Bilin-Bindungsprotein (SWISS-PROT Datenbank-

Zugriffscode P09464) zusammen mit der Sequenzposition für das mature Polypeptid in Klammern angegeben, und die entsprechende Aminosäure in einem erfindungsgemäßen Mutein ist nach dem Pfeil genannt. Nochmals besonders bevorzugte Muteine gemäß dieser  
5 Erfindung tragen alle der genannten Aminosäuresubstitutionen.

Es ist überraschend, daß die Position 93 des Bilin-Bindungsproteins in den erfindungsgemäßen Muteinen nicht verändert ist, obwohl auch diese Aminosäure von der Mutagenese  
10 zur Herstellung der Zufallsbibliothek betroffen war. Bevorzugte Muteine des Bilin-Bindungsproteins tragen daher an dieser Position die Aminosäure Val.

Für bestimmte Nachweisverfahren ist es günstig, die Muteine des  
15 Bilin-Bindungsproteins der vorliegenden Erfindung in markierter Form zu verwenden. Demgemäß ist ein weiterer Gegenstand dieser Erfindung ein erfindungsgemäßes Polypeptid, welches dadurch gekennzeichnet ist, daß es zumindest eine Markierung trägt. Geeignete Markierungsgruppen sind dem Fachmann bekannt und  
20 umfassen Enzymmarkierung, radioaktive Markierung, Fluoreszenzmarkierung, Chromophormmarkierung, (Bio)-Lumineszenzmarkierung oder Markierung mit Haptenen, Biotin, Metallkomplexen, Metallen oder kolloidalem Gold. Ganz allgemein ist die Markierung mit  
25 Substanzen bzw. Enzymen möglich, die in einer chemischen oder enzymatischen Reaktion einen bestimmbareren Stoff erzeugen. Dabei können alle für Antikörper bekannten Markierungen auch an die erfindungsgemäßen Muteine gekoppelt werden.

Eine für die praktische Anwendung besonders vorteilhafte  
30 Möglichkeit besteht darin, die erfindungsgemäßen Muteine des Bilin-Bindungsproteins in der Form von Fusionsproteinen zu verwenden. Techniken zur Herstellung solcher Fusionsproteine mittels gentechnischer Methoden sind dem Fachmann bekannt. Geeignete Fusionspartner für die erfindungsgemäßen Muteine  
35 waren Enzyme und andere Polypeptide, Proteine oder Proteindomänen. Derartige Fusionen waren geeignet, um dem Mutein des Bilin-Bindungsproteins zusätzliche Eigenschaften zu vermitteln, wie z.B. enzymatische Aktivität oder Affinität zu

anderen Molekullen, wie Proteinen, Makromolekullen oder niedermolekularen Liganden.

Beispielsweise sind Fusionen mit Enzymen, welche chromogene  
5 oder fluorogene Reaktionen katalysieren oder zur Freisetzung  
von cytotoxischen Agenzien dienen können, möglich. Weitere  
Beispiele für Fusionspartner, die in der Praxis von Vorteil  
sein können, sind Bindungsdomänen wie die Albumin-  
Bindungsdomäne oder die Immunglobulin-Bindungsdomäne von  
10 Protein G oder Protein A, Antikörperfragmente,  
Oligomerisierungsdomänen, Toxine oder andere Bindungsproteine  
und deren funktionelle Bestandteile sowie Affinitätspeptide,  
wie z.B. das Strep-Tag oder das Strep-Tag II (Schmidt et al.,  
J. Mol. Biol. 255 (1996), 753-766). Auch Proteine mit  
15 besonderen chromogenen oder fluorogenen Eigenschaften, wie z.B.  
das grün fluoreszierende Protein, eignen sich als  
Fusionspartner. Weiterhin kann das Hüllprotein III eines  
filamentösen Bakteriophagen, wie M13, f1 oder fd, oder ein  
Fragment dieses Hüllproteins als Fusionspartner in Frage.

20 Unter dem Begriff Fusionsproteine sollen hier ganz allgemein  
auch solche erfindungsgemäßen Muteine des Bilin-  
Bindungsproteins verstanden werden, die mit einer Signalsequenz  
ausgestattet sind. Signalsequenzen am N-Terminus des  
25 erfindungsgemäßen Polypeptids können dazu dienen, dieses bei  
der Biosynthese in ein bestimmtes Zellkompartiment, z.B. das  
Periplasma von *E. coli* oder das Lumen des Endoplasmatischen  
Retikulums einer eukaryontischen Zelle, bzw. in das die Zelle  
umgebende Medium zu dirigieren. Dabei wird die Signalsequenz  
30 normalerweise von einer Signalpeptidase abgespalten. Außerdem  
können andere Signal- bzw. Targeting-Sequenzen verwendet  
werden, die nicht unbedingt am N-Terminus des Polypeptids  
angebracht sein müssen, und die dessen Lokalisierung in  
speziellen Zellkompartimenten ermöglichen. Eine bevorzugte  
35 Signalsequenz zur Sekretion in das Periplasma von *E. coli* ist  
die OmpA-Signalsequenz. Weitere Signalsequenzen sowie  
Targeting-Sequenzen sind im Stand der Technik in großer Zahl  
bekannt.

Ein Vorteil der erfindungsgemäßen Muteine des Bilin-Bindungsproteins besteht darin, daß sich sowohl deren N-Terminus als auch deren C-Terminus zur Herstellung von Fusionsproteinen eignet. Im Gegensatz zu Antikörpern, bei denen  
5 sich der N-Terminus sowohl der leichten als auch der schweren Immunglobulinkette in räumlicher Nähe zur Antigenbindungsstelle befinden, können bei den erfindungsgemäßen Polypeptiden beide Enden der Polypeptidkette zur Herstellung von Fusionsproteinen verwendet werden, ohne daß die Bindung des Liganden  
10 beeinträchtigt wird.

Ein Gegenstand der Erfindung sind deshalb auch Fusionsproteine von Muteinen des Bilin-Bindungsproteins, wobei ein Enzym, ein  
15 anderes Protein oder eine Proteindomäne, eine Signalsequenz und/oder ein Affinitätspeptid an den Aminoterminal des Polypeptids in operabler Weise fusioniert ist. Ein nochmals weiterer Gegenstand der Erfindung sind Fusionsproteine von Muteinen des Bilin-Bindungsproteins oder von Fusionsproteinen mit dem Aminoterminal von Muteinen des Bilin-Bindungsproteins,  
20 wobei ein Enzym, ein anderes Protein oder eine Proteindomäne, eine Targeting-Sequenz und/oder ein Affinitätspeptid an den Carboxyterminus des Polypeptids in operabler Weise fusioniert ist.

25 Ein bevorzugtes Enzym zur Konstruktion der erfindungsgemäßen Fusionsproteine ist die bakterielle Alkalische Phosphatase (Sowadski et al., J. Mol. Biol. 186 (1985) 417-433). Diese kann einerseits am N-Terminus eines Muteins des Bilin-Bindungsproteins oder am C-Terminus eines Muteins des Bilin-Bindungsproteins angebracht sein. Zusätzlich kann ein solches  
30 Fusionsprotein eine Signalsequenz tragen, wie z.B. OmpA oder PhoA, die dessen Sekretion in das Periplasma von E. coli bewirkt, wo sich die Disulfidbindungen in der Polypeptidkette effizient ausbilden können. Weiterhin kann es mit einem  
35 Affinitätspeptid ausgestattet sein, wie z.B. dem Strep-Tag 11, welches dessen einfache Reinigung erlaubt. Spezifische erfindungsgemäße Fusionsproteine sind in den Beispielen beschrieben. Ein Vorteil eines derartigen Fusionsproteins

besteht darin, daß es direkt eine chromogene, fluorogene oder chemolumineszente Nachweisreaktion katalysieren kann, was seinen Einsatz zur Detektion der Digoxigenin-Gruppe vereinfacht.

- 5 Ein weiterer Vorteil der Verwendung der Alkalischen Phosphatase zur Konstruktion erfindungsgemäßer Fusionsproteine besteht darin, daß dieses Enzym zu einem stabilen Homodimer assoziiert und demzufolge dem Mutein des Bilin-Bindungsproteins als Bestandteil des Fusionsproteins die Eigenschaft der Bivalenz  
10 verleiht. Auf diese Weise kann bei der Bindung der Digoxigenin-Gruppe ein Aviditätseffekt resultieren, der die Nachweisempfindlichkeit steigert. Ein solcher Aviditätseffekt ist insbesondere zu erwarten, wenn das mit Digoxigenin markierte Molekül an einer festen Phase adsorbiert ist, in  
15 oligomerer bzw. membrangebundener Form vorliegt oder mit mehreren Digoxigenin-Gruppen konjugiert ist. Andere homodimere Enzyme eignen sich analog zur Herstellung bivalenter Fusionsproteine mit den erfindungsgemäßen Muteinen des Bilin-Bindungsproteins.
- 20 Abgesehen von der bakteriellen Alkalischen Phosphatase können auch Phosphatasen aus eukaryontischen Organismen, wie z.B. die kalbsintestinale Phosphatase (CIP), zur Herstellung erfindungsgemäßer Fusionsproteine verwendet werden. Diese  
25 zeichnen sich oftmals durch höhere enzymatische Aktivität aus (Murphy und Kantrowitz, Mol. Microbiol. 12 (1994), 351-357), was eine größere Nachweisempfindlichkeit bewirken kann. Auch Mutanten der bakteriellen Alkalischen Phosphatase mit verbesserter katalytischer Aktivität (Mandecki et al., Protein  
30 Eng. 4 (1991), 801-804) lassen sich zur Konstruktion erfindungsgemäßer Fusionsproteine verwenden. Weiterhin eignen sich andere dem Fachmann bekannte Enzyme, welche chromogene, fluorogene oder chemolumineszente Reaktionen katalysieren, wie z.B. die  $\beta$ -Galactosidase oder die Meerrettich-Peroxidase, zur  
35 Herstellung erfindungsgemäßer Fusionsproteine. All diese Enzyme können darüber hinaus ebenso zur Markierung von Muteinen des Bilin-Bindungsproteins eingesetzt werden, indem sie z.B. unter Verwendung üblicher Kopplungsreagenzien mit dem separat

gewonnenen Mutein oder einem Fusionsprotein des Muteins konjugiert werden.

Unter einem weiteren Aspekt betrifft die vorliegende Erfindung  
5 eine Nukleinsäure, die eine für ein Mutein oder ein  
Fusionsprotein eines Muteins des Bilin-Bindungsproteins  
kodierende Sequenz umfaßt. Diese Nukleinsäure kann Bestandteil  
eines Vektors sein, auf dem eine operativ funktionelle Umgebung  
zur Expression der Nukleinsäure gegeben ist. Geeignete Vektoren  
10 sind in großer Zahl aus dem Stand der Technik bekannt und  
werden hierin nicht ausführlich beschrieben. Unter einer  
operativ funktionellen Umgebung werden solche Elemente  
verstanden, die die Transkription und/oder nachfolgende  
Prozessierung einer mRNA ermöglichen, begünstigen, erleichtern  
15 und/oder erhöhen. Beispiele für derartige Elemente sind etwa  
Promotoren, Enhancer, Transkriptionsinitiationsstellen und -  
terminationsstellen, Translationsinitiationsstellen,  
Polyadenylierungssignale etc. In einer bevorzugten  
Ausführungsform umfassen solche erfindungsgemäßen Nukleinsäuren  
20 eine Nukleinsäuresequenz, die die in SEQ ID NO. 15 dargestellte  
Polypeptidsequenz codiert. Aufgrund der Degeneriertheit des  
genetischen Codes ist es für den Fachmann klar, daß dabei die  
in SEQ ID NO. 15 angegebene Nukleotidsequenz nur eine einzige  
aus der Gruppe der das Polypeptid gemäß SEQ ID NO. 15  
25 codierenden Nukleotidsequenzen darstellt.

Die erfindungsgemäße Nukleinsäure oder ihre Umgebung kann dabei  
dergestalt sein, daß die Biosynthese des Polypeptids im Cytosol  
erfolgt, wobei der Polypeptidsequenz ggf. ein Start-Methionin  
30 vorangestellt wird. In einer bevorzugten Ausführungsform wird  
dagegen eine N-terminale Signalsequenz verwendet, insbesondere  
die OmpA- oder die PhoA-Signalsequenz, um das erfindungsgemäße  
Polypeptid in das Periplasma von E. coli zu dirigieren, wo die  
Signalsequenz von der Signalpeptidase abgespalten wird und sich  
35 die Polypeptidkette unter oxidativer Ausbildung der  
Disulfidbindungen falten kann. Eukaryontische Signalsequenzen  
können Verwendung finden, um das erfindungsgemäße Polypeptid in  
einem eukaryontischen Wirtsorganismus zu sekretieren.

Grundsatzlich kommen zur Expression der erfindungsgemagen Nukleinsäure sowohl prokaryontische, bevorzugt *E. coli*, als auch eukaryontische Zellen wie z.B. Hefen in Betracht.

- 5 Unter einem nochmals weiteren Aspekt betrifft die vorliegende Erfindung ein Verfahren zur Herstellung eines erfindungsgemagen Muteins oder Fusionsproteins eines Muteins des Bilin-
- 10 Bindungsproteins, welches dadurch gekennzeichnet ist, daß die für das Mutein oder das Fusionsprotein eines Muteins des Bilin-Bindungsproteins kodierende Nukleinsäure in einer bakteriellen oder eukaryontischen Wirtszelle zur Expression gebracht wird und das Polypeptid aus der Zelle oder dem Kulturüberstand gewonnen wird. In der Regel wird dazu zunächst eine geeignete Wirtszelle mit einem Vektor, der eine für ein erfindungsgemäßes
- 15 Polypeptid kodierende Nukleinsäure umfaßt, transformiert. Die Wirtszelle wird dann unter Bedingungen kultiviert, bei denen eine Biosynthese des Polypeptids erfolgt, und das erfindungsgemäße Polypeptid wird gewonnen.
- 20 Bezüglich des Herstellungsverfahrens ist zu beachten, daß die erfindungsgemagen Muteine des Bilin-Bindungsproteins zwei strukturelle Disulfidbindungen aufweisen, und daß in entsprechenden Fusionsproteinen ggf. zusätzliche Disulfidbindungen vorliegen. Die mit der Proteinfaltung
- 25 einhergehende Ausbildung dieser Disulfidbindungen ist in der Regel gewährleistet, wenn das erfindungsgemage Polypeptid mit Hilfe einer geeigneten Signalsequenz in ein Zellkompartiment mit oxidierendem Thiol/Disulfid-Redoxmilieu dirigiert wird, beispielsweise das bakterielle Periplasma oder das Lumen des
- 30 Endoplasmatischen Retikulums einer eukaryontischen Zelle. Das erfindungsgemage Polypeptid läßt sich dabei durch Zellfraktionierung freisetzen oder aus dem Kulturüberstand gewinnen. Ggf. läßt sich die Faltungseffizienz durch Überproduktion von Protein-Disulfidisomerasen, wie z.B. dem
- 35 DsbC-Protein von *E. coli*, oder von Faltungs-Hilfsproteinen steigern.

Andererseits ist es möglich, ein erfindungsgemäßes Polypeptid

im Cytosol einer Wirtszelle, bevorzugt *E. coli*, zu produzieren. Es kann dann z.B. in Form von Einschlußkörpern gewonnen und anschließend *in vitro* renaturiert werden. Je nach Verwendungszweck kann das Protein mittels verschiedener dem

5 Fachmann bekannter Methoden gereinigt werden. Zur Reinigung der erfindungsgemäßen Muteine des Bilin-Bindungsproteins eignet sich z.B. die Affinitätschromatographie mit einem Säulenmaterial, welches Digoxigeningruppen trägt. Zur Reinigung von Fusionsproteinen der Muteine des Bilin-Bindungsproteins

10 können die aus dem Stand der Technik bekannten Affinitätseigenschaften des Fusionsproteins ausgenutzt werden, z.B. die des Strep-Tags oder des Strep-Tags II (Schmidt und Skerra, J. Chromatogr. A 676 (1994), 337-345; Voss und Skerra, Protein Eng. 10 (1997), 975-982), die der Albumin-

15 Bindungsdomäne (Nygren et al., J. Mol. Recogn. 1 (1988), 69-74) oder die der Alkalischen Phosphatase (McCafferty et al., Protein Eng. 4 (1991) 955-961). Bei den Verfahren zur Herstellung der erfindungsgemäßen Polypeptide ist die Tatsache, daß die Muteine des Bilin-Bindungsproteins nur aus einer

20 einzelnen Polypeptidkette bestehen, von Vorteil, da weder dafür zu sorgen ist, daß mehrere verschiedene Polypeptidketten gleichzeitig innerhalb einer Zelle synthetisiert werden müssen, noch, daß unterschiedliche Polypeptidketten in funktioneller Weise miteinander assoziieren.

25 Die praktischen Anwendungsmöglichkeiten für die erfindungsgemäßen Muteine des Bilin-Bindungsproteins entsprechen im wesentlichen denjenigen herkömmlicher Antikörper oder Antikörperfragmente mit Bindungsaffinität zu Digoxigenin.

30 Demnach betrifft die Erfindung auch die Verwendung eines erfindungsgemäßen Muteins oder eines Fusionsproteins eines Muteins des Bilin-Bindungsproteins in einem Verfahren zum Nachweis, zur Bestimmung, zur Immobilisierung oder zur Abtrennung von Digoxigenin oder von Konjugaten des Digoxigenins

35 mit Proteinen, Nukleinsäuren, Kohlenhydraten, anderen biologischen oder synthetischen Makromolekülen oder niedermolekularen chemischen Verbindungen.



Die Verwendung der erfindungsgemäßen Muteine des Bilin-Bindungsproteins oder ihrer Fusionsproteine in Nachweisverfahren kann im wesentlichen analog zu den entsprechenden Nachweisverfahren erfolgen, die für Antikörper gegen Digoxigenin, sowie deren Fragmente und/oder Konjugate, bekannt sind. Unter einem weiteren Aspekt betrifft die vorliegende Erfindung deshalb ein Verfahren zum Nachweis der Digoxigenin-Gruppe, wobei ein Mutein des Bilin-Bindungsproteins oder ein Fusionsprotein eines Muteins des Bilin-Bindungsproteins mit Digoxigenin oder mit Konjugaten des Digoxigenins unter geeigneten Bedingungen, um eine Bindung des Muteins an die Digoxigenin-Gruppe zu bewirken, in Kontakt gebracht und das Mutein oder das Fusionsprotein des Muteins bestimmt wird.

15

Zu diesem Zweck kann das Mutein direkt, z.B. durch kovalente Kopplung, markiert sein. Aber auch indirekte Markierungen, z.B. mittels markierter Antikörper gegen das Bilin-Bindungsprotein oder dessen Muteine oder gegen Domänen von Fusionsproteinen dieser Muteine, können eingesetzt werden. Besonders vorteilhaft ist die Verwendung erfindungsgemäßer Fusionsproteine mit einem Enzym, z.B. der Alkalischen Phosphatase, anstelle eines markierten Muteins des Bilin-Bindungsproteins. In diesem Fall läßt sich das Bestimmungsverfahren mit einer besonders geringen Zahl von Verfahrensschritten gestalten, wobei z.B. die Fähigkeit zur Katalyse einer chromogenen, fluorogenen oder lumineszenten Nachweisreaktion durch das Enzym als Bestandteil des Fusionsproteins unmittelbar ausgenutzt werden kann. Die leichte Verfügbarkeit solcher Fusionsproteine stellt hierbei einen besonderen Vorteil im Vergleich zu entsprechenden Fusionsproteinen herkömmlicher Antikörper dar. Die Ausnutzung des oben beschriebenen Aviditätseffekts im Fall eines oligomeren Fusionsproteins stellt einen weiteren Vorteil bei einem solchen Verfahren dar.

35

Ein Bestimmungsverfahren für die Digoxigenin-Gruppe kann z.B. qualitativ zum Nachweis von mit der Digoxigenin-Gruppe konjugierten Nukleinsäuren in Southern- bzw. Northern-Blots

- oder von mit der Digoxigenin-Gruppe konjugierten Proteinen in Western-Blots durchgeführt werden. Ein Bestimmungsverfahren kann auch quantitativ zum Nachweis von mit der Digoxigenin-Gruppe konjugierten Proteinen im ELISA durchgeführt werden. Zudem eignet sich ein erfindungsgemäßes Bestimmungsverfahren zum indirekten Nachweis von nicht mit Digoxigenin konjugierten Proteinen oder anderen Molekülen unter Verwendung eines gegen das Protein oder Molekül gerichteten Bindungsproteins, z.B. eines Antikörpers bzw. seines Fragments, welches mit der Digoxigenin-Gruppe konjugiert ist. Auch der indirekte Nachweis von nicht mit Digoxigenin konjugierten Nukleinsäuren unter Verwendung einer mit dieser Nukleinsäure hybridisierenden Sonde, welche mit der Digoxigenin-Gruppe konjugiert ist, ist möglich. Eine Anwendung in der medizinischen Diagnostik oder Therapie ergibt sich zudem bei der Bestimmung von Digoxigenin, Digoxin, Digitoxin oder Digitoxigenin, ohne daß diese Liganden mit einem anderen Molekül konjugiert sein müssen.
- Die erfindungsgemäßen Muteine oder deren Fusionsproteine können auch zur Immobilisierung eines mit der Digoxigenin-Gruppe konjugierten Moleküls verwendet werden. Diese Immobilisierung erfolgt vorzugsweise an mit den Muteinen oder ihren Fusionsproteinen beschichteten Festphasen, wie etwa Mikrotiterplatten, Immunosticks, Mikrobeads aus organischen, anorganischen oder paramagnetischen Materialien oder Sensoroberflächen.
- Dementsprechend können die erfindungsgemäßen Muteine oder deren Fusionsproteine ebenfalls zur Abtrennung von Digoxigenin, Digoxin, Digitoxin oder Digitoxigenin oder eines mit einer dieser Verbindungen konjugierten Moleküls verwendet werden. In diesem Fall kommen neben den genannten Festphasen auch Säulenmaterialien zur Beschichtung mit den Muteinen oder ihren Fusionsproteinen in Betracht. Vorzugsweise kann diese Beschichtung durch Kopplung mittels chemisch reaktiver Gruppen auf geeigneten Säulenmaterialien erfolgen. Derartig beschichtete Säulenmaterialien können zur Abtrennung von mit

Digoxigeningruppen konjugierten Substanzen sowie ggf. von Komplexen aus solchen Substanzen mit anderen Molekulan aus einer Losung verwendet werden.

- 5 Beispielsweise können so Antigene aus einer Losung abgetrennt werden, indem die Losung mit Antikörpern versetzt wird, welche gegen die Antigene gerichtet und mit der Digoxigeningruppe konjugiert sind, und die erhaltene Losung mit dem genannten
- 10 Säulenmaterial unter Bedingungen in Kontakt gebracht wird, unter denen eine Komplexbildung zwischen den Digoxigeningruppen und einem erfindungsgemäßen Mutein des Bilin-Bindungsproteins oder seinem Fusionsprotein erfolgt. Ggf. ist im Anschluß an eine solche Abtrennung auch eine Elution der mit Digoxigenin konjugierten Substanz möglich. Diese Elution kann durch
- 15 Konkurrenz mit Digoxin, Digoxigenin, Digitoxin oder Digitoxigenin erfolgen sowie z.B. durch Absenkung oder Erhöhung des pH-Werts der Losung. Bei einer kompetitiven Elution kann dabei die höhere Bindungsaffinität der erfindungsgemäßen Muteine zu Digitoxigenin oder Digitoxin im Vergleich zur
- 20 Digoxigeningruppe in vorteilhafter Weise ausgenutzt werden. Auf diese Weise läßt sich eine mit Digoxigenin konjugierte Substanz isolieren oder reinigen.

Die Erfindung wird weiter veranschaulicht durch die

25 nachstehenden Beispiele und die beigefügten Zeichnungen, in denen:

Figur 1 jeweils eine Fluoreszenztitration des mit dem Strep-tag II fusionierten Muteins DigA16 mit den Liganden

30 Digoxigenin, Digitoxigenin und Ouabain wiedergibt;

Figur 2 die Expressionsvektoren pBBP27 (A) und pBBP29 (B) zur Herstellung von Fusionsproteinen des Muteins DigA16 mit der Alkalischen Phosphatase schematisch darstellt;

35 Figur 3 den quantitativen Nachweis von mit Digoxigeningruppen konjugierten Biomolekulan durch Fusionsproteine des Muteins DigA16 mit der Alkalischen Phosphatase in einem

ELISA demonstriert;

Figur 4 den qualitativen Nachweis von mit Digoxigeningruppen  
konjugierten Biomolekulan durch Fusionsproteine des  
Muteins DigA16 mit der Alkalischen Phosphatase auf  
5 einem Western-Blot zeigt.

Figur 1 zeigt die graphische Darstellung von Ergebnissen aus  
Beispiel 3, bei der eine 1  $\mu$ M Lösung des Muteins DigA16 mit  
10 unterschiedlichen Konzentrationen der Steroide Digoxigenin  
(Quadrate), Digitoxigenin (Kreise) und Ouabain' (Rauten)  
versetzt wurde. Die jeweiligen Proteinfluoreszenzintensitäten  
wurden bei einer Anregungswellenlänge von 295 nm und einer  
Emissionswellenlänge von 345 nm gemessen und gegen die aktuelle  
15 Gesamtkonzentration des Steroids im jeweiligen Ansatz  
aufgetragen. Die Datenpunkte wurden schließlich mittels nicht  
linearer Regression durch eine Ausgleichskurve angepaßt.

Figur 2 zeigt eine Zeichnung der Expressionsvektoren pBBP27 (A)  
20 und pBBP29 (B). pBBP27 kodiert für ein Fusionsprotein aus der  
bakteriellen Alkalischen Phosphatase mit ihrer eigenen  
Signalsequenz, einem Peptid-Linker mit der Sequenz Pro-Pro-Ser-  
Ala, dem Mutein DigA16 sowie dem Strep-tag II-Affinitäts-  
anhangsel. Das entsprechende Strukturgen wird von dem dsbC-  
25 Strukturgen (einschließlich dessen ribosomaler Bindungsstelle)  
aus *E. coli* (Zapun et al., Biochemistry 34 (1995), 5075-5089)  
als zweitem Cistron gefolgt. Das dadurch gebildete künstliche  
Operon steht unter gemeinsamer Transkriptionskontrolle des  
Tetracyclin-Promotor/Operators ( $tet^{P/O}$ ) und endet am  
30 Lipoprotein-Transkriptionsterminator ( $t_{lpp}$ ). Weitere Elemente  
des Vektors sind der Replikationsursprung (*ori*), die  
intergenische Region des filamentösen Bakteriophagen f1 (*f1-IG*),  
das für die  $\beta$ -Lactamase kodierende Ampicillin-Resistenzgen  
(*bla*) und das Tetracyclin-Repressorgen (*tetR*). pBBP29 kodiert  
35 für ein Fusionsprotein aus der OmpA-Signalsequenz, dem Mutein  
DigA16, dem Strep-tag II-Affinitätsanhangsel, einem Peptid-  
Verbindungsstück bestehend aus fünf Glycinresten und der  
bakteriellen Alkalischen Phosphatase ohne ihre N-terminale

Aminosäure Arginin. Die Vektorelemente außerhalb dieses Bereiches sind mit dem Vektor pBBP27 identisch.

Figur 3 zeigt eine graphische Darstellung der Daten aus  
5 Beispiel 4, in dem der quantitative Nachweis von Digoxigenin-  
gruppen mit Hilfe der Fusionsproteine des Muteins DigA16 als Genprodukt der Vektoren pBBP27 (geschlossene  
Symbole) und pBBP29 (offene Symbole) geführt wurde. Hierbei  
waren die Digoxigenin-  
10 gruppen einerseits an Rinder-Serumalbumin (BSA, Quadrate) oder andererseits an Albumin aus Hühner-Ei  
(Ovalbumin, Dreiecke) gekoppelt. Als Kontrolle sind die Daten  
dargestellt, die bei der Verwendung von underivatisiertem  
Rinder-Serumalbumin sowie dem Fusionsprotein kodiert von pBBP27  
erhalten wurden (offene Kreise). Die dem jeweiligen gebundenen  
15 Fusionsprotein entsprechende enzymatische Aktivität wurde  
anhand der Hydrolyse von p-Nitrophenylphosphat  
spektrophotometrisch bei 405 nm verfolgt. Die Kurvenanpassung  
erfolgte durch nicht lineare Regression mit Hilfe des  
Computerprogramms Kaleidagraph (Abelbeck Software) mittels der  
20 Gleichung

$$[P \cdot L] = [L]_t [P]_t / (K_d + [P]_t) .$$

Hierbei entspricht  $[P]_t$  der eingesetzten Gesamtkonzentration  
25 des Fusionsproteins in der jeweiligen Vertiefung der  
Mikrotiterplatte.  $[P \cdot L]$  wird anhand der enzymatischen Aktivität  
der alkalischen Phosphatase bestimmt. Die innerhalb einer  
Konzentrationsreihe konstante Gesamtkonzentration der  
Digoxigenin-  
30 gruppen  $[L]_t$  je Vertiefung sowie die Dissoziationskonstante  $K_d$  wurden durch nicht lineare Regression  
als Parameter angepaßt.

Figur 4 zeigt das Ergebnis eines Western Blot-Experiments aus  
Beispiel 4 zum qualitativen Nachweis von mit Digoxigenin-  
35 konjugierten Biomolekülen mittels der von pBBP27 (Spuren 1 und  
2) sowie von pBBP29 (Spuren 3 und 4) kodierten Fusionsproteine  
des Muteins DigA16. Zum Vergleich ist ein mit Coomassie-  
Brilliantblau gefärbtes 15 %iges SDS-Polyacrylamidgel der

Biomoleküle ebenfalls dargestellt (Spuren 5 und 6). Hierbei wurde in den Spuren 1, 3 und 5 jeweils ein Gemisch aus 0,5 µg underivatisiertem BSA, underivatisiertem Ovalbumin und underivatisierter RNaseA aufgetrennt. In den Spuren 2, 4 und 6 wurde jeweils ein Gemisch aus 0,5 µg mit Digoxigeningruppen gekoppeltem BSA, mit Digoxigeningruppen gekoppeltem Ovalbumin und mit Digoxigeningruppen gekoppelter RNaseA aufgetrennt.

### Beispiele

10

Sofern nicht anders angegeben, wurden die dem Fachmann gelaufigen gentechnischen Methoden, wie sie z.B. in Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual (1989), Cold Spring Harbor Press) beschrieben sind, verwendet.

15

#### Beispiel 1: Herstellung einer Bibliothek für Muteine des Bilin-Bindungsproteins, Phagemidpräsentation und Selektion eines Muteins mit Bindungsaffinität zu Digoxigenin

20 Zur Herstellung einer Bibliothek für Muteine des Bilin-Bindungsproteins wurden dessen Aminosäure-Sequenzpositionen 34, 35, 36, 37, 58, 60, 69, 88, 90, 93, 95, 97, 114, 116, 125 und 127 einer konzertierten Mutagenese mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) in mehreren Schritten unterworfen. Die  
25 PCR-Reaktionen wurden zunächst in zwei getrennten Amplifizierungsschritten in einem Volumen von je 50 µl durchgeführt, wobei 10 ng pBBP20-Phasmid-DNA (SEQ ID NO:1) als Matrize sowie jeweils 25 pmol zweier Primer (SEQ ID NO:2 und SEQ ID NO:3 in einem Ansatz und SEQ ID NO:4 und SEQ ID NO:5 in  
30 einem zweiten Ansatz), welche nach der allgemein bekannten Phosphoramidit-Methode synthetisiert worden waren, eingesetzt wurden.

Weiterhin enthielt der Reaktionsansatz 5 µl 10xTaq-Puffer (100  
35 mM Tris/HCl pH 9,0, 500 mM KCl, 1 % v/v Triton X-100), 3 µl 25 mM MgCl<sub>2</sub> und 4 µl dNTP-Mix (2,5 mM dATP, dCTP, dGTP, dTTP). Nach Auffüllen mit Wasser wurde der Ansatz mit Mineralöl überschichtet und in einem programmierbaren

- Thermostatisierblock für 2 min auf 94°C erhitzt. Anschließend wurden 2,5 u Taq DNA-Polymerase (5 u/μl, Promega) zugegeben und 20 Temperaturzyklen von 1 min bei 94°C, 1 min bei 60°C, 1,5 min bei 72°C, gefolgt von einer Inkubation für 5 min bei 60°C, durchgeführt. Die gewünschten Amplifizierungsprodukte wurden durch präparative Agarose-Gelelektrophorese unter Verwendung des Jetsorb DNA Extraction Kits (Genomed) nach den Angaben des Herstellers aus Low Melting Point Agarose (Gibco BRL) isoliert.
- Ein relevanter Ausschnitt aus der Nukleinsäuresequenz von pBBP20 ist mit der kodierte Aminosäuresequenz im Sequenzprotokoll als SEQ ID NO:1 wiedergegeben. Der Ausschnitt beginnt mit einer Hexanukleotidsequenz, die durch Ligierung eines XbaI-Überhangs mit einem dazu komplementären SpeI-Überhang erhalten wurde, und endet mit der HindIII-Schnittstelle. Die Vektorelemente außerhalb dieses Bereichs sind identisch mit dem Vektor pASK75, dessen vollständige Nukleotidsequenz in der Offenlegungsschrift DE 44 17 598 A1 angegeben ist.
- Der darauffolgende Amplifizierungsschritt wurde in einem 100 μl-Ansatz durchgeführt, wobei jeweils ca. 6 ng der beiden isolierten Fragmente als Matrize, je 50 pmol der beiden Primer SEQ ID NO:6 und SEQ ID NO:7 sowie 1 pmol des Oligodesoxynukleotids SEQ ID NO:8 eingesetzt wurden. Die restlichen Komponenten des PCR-Ansatzes wurden wie in den vorangegangenen Amplifizierungsschritten mit der doppelten Menge zugesetzt. Die PCR fand bei 20 Temperaturzyklen von 1 min bei 94°C, 1 min bei 55°C, 1,5 min bei 72°C statt, gefolgt von einer abschließenden Inkubation für 5 min bei 60°C. Das erhaltene Fragment wurde erneut durch präparative Agarose-Gelelektrophorese isoliert.
- Zur Klonierung dieses Fragments, welches die Bibliothek der Muteine in Form einer Mischung von Nukleinsäuren repräsentierte, wurde es zunächst mit dem Restriktionsenzym BstXI (New England Biolabs) nach den Angaben des Herstellers geschnitten. Die Reinigung des erhaltenen Nukleinsäurefragments

(335 Basenpaare, bp) erfolgte wiederum mittels präparativer Agarose-Gelelektrophorese. Analog wurde die DNA des Vektors pBBP20 mit *Bst*XI geschnitten und das größere der beiden Fragmente (3971 bp) isoliert.

5

Zur Ligierung wurden 0,93 µg (4,2 pmol) des PCR-Fragments und 11 µg (4,2 pmol) des Vektorfragments in Gegenwart von 102 Weiss Units T4 DNA-Ligase (New England Biolabs) in einem Gesamtvolumen von 500 µl (50 mM Tris/HCl pH 7,8, 10 mM MgCl<sub>2</sub>, 10 mM DTT, 1 mM ATP, 50 µg/ml BSA) für zwei Tage bei 16°C inkubiert. Anschließend wurde die DNA gefällt, indem jeweils 24 µl des Ligierungsansatzes mit 10 µg tRNA aus Hefe (Boehringer Mannheim), 25 µl 5 M Ammoniumacetat und 100 µl Ethanol versetzt wurden. Nach Inkubation bei -20°C für drei Tage wurde zentrifugiert (25 min, 16000 g, 4°C). Das Präzipitat wurde mit jeweils 200 µl Ethanol (70 % v/v, -20 °C) gewaschen und unter Vakuum getrocknet. Die DNA wurde schließlich in 43,6 µl TE/10 (1 mM Tris/HCl pH 8,0, 0,1 mM EDTA) aufgenommen. Die DNA-Konzentration der erhaltenen Lösung wurde durch analytische Agarose-Gelelektrophorese anhand der Fluoreszenzintensität der mit Ethidiumbromid angefarbten Banden im Vergleich mit einem DNA-Größenstandard mit bekannter Konzentration abgeschätzt.

10

15

20

Die Präparation elektrokompenter Zellen des *E. coli* K12-Stamms XL1-Blue (Bullock et al., BioTechniques 5 (1987), 376-379) erfolgte gemäß den von Tung und Chow (Trends Genet. 11 (1995), 128-129) und von Hengen (Trends Biochem. Sci. 21 (1996), 75-76) beschriebenen Methoden. 1 l LB-Medium wurde durch Zugabe einer stationären XL1-Blue Übernachtskultur auf eine optische Dichte bei 600 nm, OD<sub>600</sub> = 0,08 eingestellt und bei 200 Upm und 26°C in einem 3 l-Erlenmeyer-Kolben inkubiert. Nach Erreichen von OD<sub>600</sub> = 0,6 wurde die Kultur für 30 min auf Eis gekühlt und anschließend für 15 min bei 4000 g und 4°C zentrifugiert. Das Zellsediment wurde zweimal mit jeweils 500 ml eiskaltem 10 % w/v Glycerin gewaschen und schließlich in 2 ml eiskaltem GYT-Medium (10 % w/v Glycerin, 0,125 % w/v Hefeextrakt, 0,25 % w/v Trypton) resuspendiert.

30

35



Zur Elektroporation wurde das Easyjec T Basic System (EquiBio) mit den dazugehörigen Kuvetten (Elektrodenabstand 2 mm) verwendet. Alle Arbeitsschritte wurden im Kühlraum bei 4°C durchgeführt. Jeweils 5 bis 6 µl der oben beschriebenen DNA-Lösung (245 ng/µl) wurde mit 40 µl der Zellsuspension gemischt, 1 min auf Eis inkubiert und anschließend in die Kuvette überführt. Nach der Elektroporation wurde die Suspension sofort in 2 ml frischem, eiskaltem SOC-Medium (2 % w/v Trypton, 0,5 % w/v Hefeextrakt, 10 mM NaCl, 10 mM MgSO<sub>4</sub>, 10 mM MgCl<sub>2</sub>) verdünnt und für 60 min bei 37°C und 200 Upm geschüttelt. Die Zellen wurden anschließend jeweils für 2 min bei 3600 'g sedimentiert, in 1 ml LB-Medium mit 100 µg/ml Ampicillin (LB/Amp) resuspendiert und zu je 200 µl auf Agar-Platten (140 mm Durchmesser) mit LB/Amp-Medium ausplattiert. Unter Einsatz von insgesamt 10,7 µg der ligierten DNA wurden auf diese Weise mit acht Elektroporationsansätzen  $3,73 \cdot 10^8$  Transformanten erhalten, die auf 40 Agar-Platten verteilt waren.

Nach Inkubation für 14 h bei 32°C wurden die so erhaltenen Kolonien unter Zusatz von je 10 ml 2xYT/Amp-Medium von den Agar-Platten abgeschabt, in einen sterilen Erlenmeyerkolben überführt und zur vollständigen Resuspendierung für 20 min bei 37°C, 200 Upm geschüttelt. 50 ml auf 37°C vorgewärmtes 2xYT/Amp-Medium wurden mit 2,88 ml dieser Suspension inokuliert, so daß die Zelldichte OD<sub>600</sub> bei 1,0 lag. Diese Kultur wurde für 6 h bei 37°C, 160 Upm bis zu einer stationären Zelldichte inkubiert und die Phasmid-DNA mit Hilfe des Plasmid Midi Kits (Qiagen) nach Angaben des Herstellers isoliert. Die DNA wurde schließlich in 100 µl TE (10 mM Tris/HCl pH 8,0, 1 mM EDTA) aufgenommen und zur weiteren Verwendung bei 4°C gelagert.

Zur Herstellung einer Bibliothek von rekombinanten Phagemiden (Kay et al., Phage Display of Peptides and Proteins - A Laboratory Manual (1996), Academic Press), welche die Muteine des Bilin-Bindungsproteins als Fusion mit dem verkürzten Hullprotein pIII tragen, wurde die so gewonnene Phasmid-DNA zur Transformation elektrokompenter Zellen von E. coli XL1-Blue eingesetzt. Die Elektroporation wurde wie oben beschrieben mit

Hilfe des Easyjec T Basic Systems durchgeführt. In insgesamt 13 Ansätzen wurden je 40 µl der Zellsuspension elektrokompeter Zellen mit jeweils 2 µg der DNA in einem Volumen von 5 µl transformiert. Nach der Elektroporation wurde die erhaltene  
5 Zellsuspension aus jedem Ansatz sofort in 2 ml frischem, eiskaltem SOC-Medium verdünnt und für 60 min bei 37°C und 200 Upm geschüttelt.

Diese Ansätze wurden vereinigt (Volumen = 26 ml), mit 74 ml  
10 2xYT-Medium und mit 100 µl Ampicillin (StammLösung 100 mg/ml, Endkonzentration 100 mg/l) versetzt. Durch Ausplattieren von 100 µl einer 1:10<sup>5</sup>-Verdünnung der erhaltenen Suspension auf Agar-Platten mit LB/Amp-Medium wurde die Gesamtzahl der erhaltenen Transformanten zu  $1,1 \cdot 10^{10}$  abgeschätzt. Nach  
15 Inkubation für 60 min bei 37°C und 160 Upm wurde die Kultur mit 500 µl VCS-M13 Helferphage ( $1,1 \cdot 10^{12}$  pfu/ml, Stratagene) infiziert und für weitere 60 min bei 37°C, 160 Upm geschüttelt. Anschließend wurden 200 µl Kanamycin (Stammlosung 35 mg/ml, Endkonzentration 70 mg/l) zugegeben, die Inkubortemperatur  
20 auf 26°C erniedrigt und nach 10 min zur Induktion der Genexpression Anhydrotetracyclin (50 µl einer 50 µg/ml-Stammlosung in Dimethylformamid, Endkonzentration 25 µg/l) zugesetzt. Zur Produktion der Phagemide wurde die Kultur schließlich für 7 h bei 26°C, 160 Upm inkubiert.

25 Zwecks Abtrennung der Zellen wurde die Kultur zentrifugiert (15 min, 12000 g, 4°C). Der Überstand, der die Phagemidpartikel enthielt, wurde sterilfiltriert (0,45 µm), mit 1/4 Volumen (25  
30 ml) 20 % w/v PEG 8000, 15 % w/v NaCl versetzt und über Nacht bei 4°C inkubiert. Nach Zentrifugation (20 min, 18000 g, 4°C) wurden die präzipitierten Phagemidpartikel in insgesamt 4 ml kaltem PBS (4 mM KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>, 16 mM Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>, 115 mM NaCl, pH 7,4) gelöst. Die Lösung wurde für 30 min auf Eis inkubiert und zu gleichen Volumina auf vier 1,5 ml-Reaktionsgefäße verteilt.  
35 Nach Abzentrifugieren ungeloster Bestandteile (5 min, 18500 g, 4°C) wurde der Überstand jeweils in ein neues Reaktionsgefäß überführt.

Zur erneuten Fällung der Phagemidpartikel wurde mit 1/4 Volumen (jeweils 0,25 ml pro Reaktionsgefäß) 20 % w/v PEG 8000, 15 % w/v NaCl gemischt und für 60 min auf Eis inkubiert. Nach Zentrifugation (20 min, 18500 g, 4°C) wurde der Überstand  
5 entfernt, und die präzipitierten Phagemidpartikel wurden in jeweils 0,5 ml PBS gelöst. Nach Inkubation für 30 min auf Eis wurde die Lösung zur Klärung noch einmal zentrifugiert (5 min, 18500 g, 4°C). Der Überstand mit den Phagemidpartikeln (zwischen  $1 \cdot 10^{12}$  und  $5 \cdot 10^{12}$  cfu/ml) wurde anschließend für die  
10 Affinitätsanreicherung eingesetzt.

Zur Affinitätsanreicherung der die Muteine des Bilin-Bindungsproteins präsentiierenden rekombinanten Phagemide wurden Immuno-Sticks (NUNC) verwendet. Diese wurden über Nacht mit 800  
15  $\mu$ l eines Konjugats (100  $\mu$ g/ml) aus Ribonuclease A (RNaseA) und Digoxigenin in PBS beschichtet.

Zur Herstellung des Konjugats wurden 1,46 pmol (0,96 mg) Digoxigenin-3-O-methylcarbonyl-E-aminocapronsäure-N-  
20 hydroxysuccinimidester (DIG-NHS, Boehringer Mannheim) in 25  $\mu$ l DMSO  $\mu$ l-weise und unter stetiger Durchmischung zu 0,73 pmol (10 mg) RNaseA (Fluka) in 1 ml 5 % w/v Natriumhydrogencarbonat gegeben. Der Ansatz wurde unter Rühren für 1 h bei Raumtemperatur (RT) inkubiert. Anschließend wurde  
25 überschüssiges Reagenz von dem RNaseA-Konjugat mittels einer PD-10 Gelfiltrationssäule (Pharmacia) gemäß den Angaben des Herstellers abgetrennt.

Unbelegte Bindungsstellen auf der Oberfläche des Immuno-Sticks wurden durch Inkubation mit 1,2 ml 2 % w/v BSA in PBST (PBS mit 0,1 % v/v Tween 20) für 2 h bei RT abgesättigt. Nach dreimaligem kurzen Waschen mit jeweils 1,2 ml PBST wurde der Immuno-Stick in einer Mischung aus 250  $\mu$ l der Phagemidlösung und 500  $\mu$ l Blockierungspuffer (2 % w/v BSA in PBST) für 1 h bei  
35 RT inkubiert.

Zur Entfernung nicht gebundener Phagemide wurde die Lösung abgezogen und der Immuno-Stick achtmal mit jeweils 950  $\mu$ l PBST

fur 2 min gewaschen. Adsorbierte Phagemide wurden schließlich im Verlauf einer 15minütigen Inkubation des Immuno-Sticks mit 950  $\mu$ l einer 2 mM Losung von Digoxigenin in PBS (0,742mg Digoxigenin (Fluka) wurden hierzu in 19,2  $\mu$ l DMF gelöst und zu 5 930,8  $\mu$ l PBS gegeben) kompetitiv eluiert.

Zur Vermehrung der Phagemide wurden die 950  $\mu$ l Losung der erhaltenen Elutionsfraktion (je nach Selektionszyklus zwischen  $10^6$  und  $10^8$  Colony-forming Units) kurz auf 37°C erwärmt, mit 4 10 ml einer exponentiell wachsenden Kultur von *E. coli* XL1-Blue ( $OD_{550} = 0,5$ ) gemischt und fur 30 min bei 37°C, 200 Upm inkubiert. Die mit den Phagemiden infizierten Zellen wurden anschließend sedimentiert (2 min, 4420 g, 4°C), in 800  $\mu$ l frischen 2xYT-Mediums resuspendiert und auf vier Agar-Platten 15 mit LB/Amp-Medium (140 mm Durchmesser) ausplattiert. Nach Inkubation fur 14 h bei 32°C wurden die erhaltenen Kolonien unter Zusatz von je 10 ml 2xYT/Amp-Medium von den Agar-Platten abgeschabt, in einen sterilen Erlenmeyerkolben überführt und zur vollständigen Resuspendierung fur 20 min bei 37°C, 200 Upm 20 geschüttelt.

Zur wiederholten Produktion und Affinitätsanreicherung von Phagemidpartikeln wurde 50 ml auf 37°C vorgewärmtes 2xYT/Amp-Medium mit 0,2 bis 1 ml dieser Suspension inokuliert, so daß 25 die Zelldichte  $OD_{550}$  bei 0,08 lag. Diese Kultur wurde bei 37°C, 160 Upm bis zu einer Zelldichte von  $OD_{550} = 0,5$  inkubiert, mit 250  $\mu$ l VCS-M13 Helferphage ( $1,1 \cdot 10^{12}$  pfu/ml, Stratagene) infiziert, und es wurde weiter verfahren wie bereits oben beschrieben.

30

Mit den aus der ersten Affinitätsanreicherung erhaltenen Phagemiden wurden nacheinander acht weitere Anreicherungszyklen mit Immuno-Sticks, welche frisch mit dem Digoxigenin-RNaseA-Konjugat beschichtet waren, durchgeführt. Die nach dem letzten 35 Anreicherungszyklus erhaltenen Phagemide wurden wiederum zur Infektion von *E. coli* XL1-Blue verwendet. Die Mischung der erhaltenen Kolonien wurde, wie oben beschrieben, mit 2xYT/Amp-Medium von den Agar-Platten abgeschabt und resuspendiert. Mit

dieser Zellsuspension wurden 50 ml 2xYT/Amp-Medium angeimpft und die Phasmid-DNA unter Verwendung des QIAprep Spin Miniprep Kits (QIAGEN) gemäß den Angaben des Herstellers isoliert.

- 5 Um die Muteine des Bilin-Bindungsproteins als Fusionsprotein mit dem Strep-tag II sowie der Albumin-Bindungsdomane produzieren zu können, wurde die Genkassette zwischen den beiden BstXI-Schnittstellen aus dem Vektor pBBP20 in den Vektor pBBP22 subkloniert. Ein relevanter Ausschnitt aus der
- 10 Nukleinsäuresequenz von pBBP22 ist mit der kodierten Aminosäuresequenz im Sequenzprotokoll als SEQ ID NO:9 wiedergegeben. Der Ausschnitt beginnt mit der XbaI-Schnittstelle und endet mit der HindIII-Schnittstelle. Die Vektorelemente außerhalb dieses Bereichs sind identisch mit dem
- 15 Vektor pASK75.

- Dazu wurde die aus der Mischung der *E. coli*-Kolonien isolierte DNA mit dem Restriktionsenzym BstXI geschnitten und das kleinere der beiden Fragmente (335 bp) durch präparative
- 20 Agarose-Gelelektrophorese wie oben beschrieben gereinigt. In gleicher Weise wurde die DNA des Vektors pBBP22 mit BstXI geschnitten und das größere der beiden Fragmente (3545 bp) isoliert.

- 25 Zur Ligierung wurden jeweils 50 fmol der beiden DNA-Fragmente in einem Gesamtvolumen von 20  $\mu$ l (30 mM Tris/HCl pH 7,8, 10 mM MgCl<sub>2</sub>, 10 mM DTT, 1 mM ATP) mit 1,5 Weiss Units T4 DNA Ligase (Promega) versetzt und über Nacht bei 16°C inkubiert. Mit 5  $\mu$ l dieses Ligierungsansatzes wurden 200  $\mu$ l kompetente Zellen des
- 30 Stamms *E. coli* TG1-F<sup>-</sup> nach der CaCl<sub>2</sub>-Methode transformiert (Sambrook et al., supra), wobei 2,2 ml einer Zellsuspension erhalten wurden.

- Die Transformanten wurden anschließend mittels eines Colony
- 35 Screening Assays auf die Produktion von Muteinen mit Bindungsaktivität für die Digoxigeningruppe durchgemustert. Dazu wurde auf eine LB/Amp-Agarplatte eine passend zurechtgeschnittene, an einer Stelle markierte hydrophile PVDF-

Membran (Millipore, Typ GVWP, Porengröße 0,22  $\mu\text{m}$ ) aufgelegt.  
Auf dieser Membran wurden 150  $\mu\text{l}$  der Zellsuspension aus dem Transformationsansatz gleichmäßig ausplattiert, wobei ca. 500 Kolonien erhalten wurden. Die Platte wurde für 7,5 h bei 37°C  
5 im Brutschrank inkubiert, bis die Kolonien einen Durchmesser von ca. 0,5 mm erreicht hatten.

In der Zwischenzeit wurde eine ebenfalls passend zurechtgeschnittene hydrophobe Membran (Millipore, Immobilon P, Porengröße 0,45  $\mu\text{m}$ ) nach den Angaben des Herstellers mit PBS angefeuchtet. Anschließend wurde sie für 4 h bei RT in einer Lösung von 10 mg/ml Human-Serumalbumin (HSA, Sigma) in PBS geschwenkt. Verbliebene Bindungsstellen auf der Membran wurden durch Inkubation mit 3 % w/v BSA, 0,5 % v/v Tween 20 in PBS für  
15 2 h bei RT abgesättigt. Die Membran wurde zweimal für jeweils 10 min mit 20 ml PBS gewaschen und danach für 10 min in 10 ml LB/Amp-Medium, dem 200  $\mu\text{g/l}$  Anhydrotetracyclin zugesetzt worden war, geschwenkt. Anschließend wurde sie an einer Stelle markiert und auf eine Kulturplatte mit LB/Amp-Agar, der  
20 zusätzlich 200  $\mu\text{g/l}$  Anhydrotetracyclin enthielt, gelegt.

Die zuvor erhaltene, mit den Kolonien bewachsene hydrophile Membran wurde daraufhin so auf die hydrophobe Membran aufgelegt, daß die beiden Markierungen zur Deckung kamen. Die  
25 Kulturplatte mit den beiden Membranen wurde bei 22°C für 15 h inkubiert. Während dieser Phase wurden die jeweiligen Muteine als Fusionsproteine von den Kolonien sekretiert und mittels Komplexbildung zwischen der Albumin-Bindungsdomäne und dem HSA auf der unteren Membran immobilisiert.

30 Danach wurde die obere Membran mit den Kolonien auf eine frische LB/Amp-Agarplatte transferiert und bei 4°C aufbewahrt. Die hydrophobe Membran wurde abgenommen, dreimal für jeweils 10 min mit 20 ml PBST gewaschen und anschließend für 1 h in 10 ml  
35 einer Lösung von 10  $\mu\text{g/ml}$  eines Konjugates von BSA mit Digoxigenin in PBST inkubiert.

Zur Herstellung des Konjugates von BSA (Sigma) und Digoxigenin

wurde eine Lösung von 3,0  $\mu\text{mol}$  (1,98 mg) DIG-NHS in 25  $\mu\text{l}$  DMSO  $\mu\text{l}$ -weise und unter stetiger Durchmischung zu 300 nmol (19,88 mg) BSA (Sigma) in 1,9 ml 5 % w/v Natriumhydrogencarbonat gegeben. Der Ansatz wurde unter Rühren für 1 h bei RT inkubiert und überschüssiges Reagenz von dem BSA-Konjugat mittels einer PD-10 Gelfiltrationssäule nach den Angaben des Herstellers abgetrennt.

Um gebundenes Digoxigenin-BSA-Konjugat nachzuweisen, wurde die Membran nach zweimaligem Waschen in 20 ml PBST für 1 h mit 10 ml Anti-Digoxigenin Fab-Alkalische Phosphatase-Konjugat (Boehringer Mannheim, 1:1000 verdünnt in PBST) inkubiert. Die Membran wurde anschließend für jeweils 5 min zweimal mit 20 ml PBST und zweimal mit 20 ml PBS gewaschen und für 10 min in AP-Puffer (0,1 M Tris/HCl pH 8,8, 0,1 M NaCl, 5 mM  $\text{MgCl}_2$ ) geschwenkt. Zur chromogenen Nachweisreaktion wurde die Membran in 10 ml AP-Puffer, dem 30  $\mu\text{l}$  5-Brom-4-chlor-3-indolylphosphat, p-Toluidinsalz (BCIP, Roth, 50  $\mu\text{g}/\text{ml}$  in Dimethylformamid) und 5  $\mu\text{l}$  Nitro Blue Tetrazolium (NBT, Sigma, 75  $\mu\text{g}/\text{ml}$  in 70 % v/v Dimethylformamid) zugesetzt waren, inkubiert, bis an den Positionen einiger der Kolonien deutliche Farbsignale zu erkennen waren. Auf diese Weise wurde die Bindungsaktivität der von diesen Kolonien produzierten Muteine des Bilin-Bindungsproteins, in Form der Fusionsproteine mit dem Strep-tag und der ABD, für Digoxigenin nachgewiesen.

Vier der Kolonien von der oberen Membran, welche zu einem aufgeprägten Farbsignal Anlaß gaben, wurden zur Herstellung von Kulturen in LB/Amp-Medium mit einem Volumen von 4 ml verwendet. Ihre Plasmid-DNA wurde mit Hilfe des JETquick Plasmid Miniprep Spin Kits (Genomed) nach den Angaben des Herstellers isoliert, und der für das Mutein kodierende Genabschnitt wurde einer Sequenzanalyse unterzogen. Die Sequenzanalyse erfolgte mit Hilfe des T7 Sequencing Kits (Pharmacia) nach Herstellerangaben unter Verwendung der Oligodesoxynukleotide SEQ ID NO:10 und SEQ ID NO:11. Dabei wurde gefunden, daß alle vier untersuchten Plasmide die gleiche Nukleotidsequenz trugen. Das entsprechende Genprodukt wurde als DigA bezeichnet (SEQ ID NO:12). Die

Nukleotidsequenz von DigA wurde in die Aminosäuresequenz übersetzt und ist im Sequenzprotokoll wiedergegeben.

5 Beispiel 2: Partielle Zufallsmutagenese des Muteins DigA und Selektion von Muteinen mit verbesserter Bindunssaffinität zu Digoxigenin

10 Zur Verbesserung der Affinität zwischen dem Mutein DigA und Digoxigenin, welche gemäß Beispiel 3 zu  $295 \pm 36$  nM bestimmt wurde, wurden die 6 Aminosäurepositionen 28, 31 und 34-37 in DigA für eine weitergehende partielle Zufallsmutagenese ausgewählt.

15 Zur Mutagenese dieser Positionen wurde die PCR mit einem degenerierten Oligodesoxynukleotid-Primer durchgeführt. Die Amplifizierungsreaktion erfolgte in einem Gesamtvolumen von 100  $\mu$ l, wobei 2 ng der für DigA (SEQ ID NO:12) kodierenden Plasmid-DNA des Vektors pBBP22 als Matrize eingesetzt wurden. Der  
20 Reaktionsansatz enthielt 50 pmol der beiden Primer SEQ ID NO:13 und SEQ ID NO:7 sowie die restlichen Komponenten gemäß der in Beispiel 1 beschriebenen Methode. Die PCR fand bei 20 Temperaturzyklen von 1 min bei 94°C, 1 min bei 65°C, 1,5 min bei 72°C statt, gefolgt von einer abschließenden Inkubation für  
25 5 min bei 60°C. Das erhaltene DNA-Fragment wurde durch präparative Agarose-Gelelektrophorese isoliert und anschließend mit BstXI nach den Angaben des Herstellers geschnitten. Die Reinigung des resultierenden DNA-Fragmentes von 335 bp Länge erfolgte wiederum durch präparative Agarose-Gelelektrophorese.

30 Entsprechend wurde die DNA des Vektors pBBP24 mit BstXI geschnitten und das erhaltene Fragment von 4028 bp isoliert. Ein relevanter Ausschnitt aus der Nukleinsäuresequenz von pBBP24 ist mit der kodierten Aminosäuresequenz im  
35 Sequenzprotokoll als SEQ ID NO:14 wiedergegeben. Der Ausschnitt beginnt mit der XbaI-Schnittstelle und endet mit der HindIII-Schnittstelle. Die Vektorelemente außerhalb dieses Bereichs sind identisch mit dem Vektor pASK75. pBBP24 ist weitestgehend



identisch mit pBBP20 wobei das BBP-Gen mittels entsprechend eingeführter Stopp-Kodons inaktiviert ist.

Zur Ligierung wurden 1,3 µg des geschnittenen DNA-Fragmentes  
5 aus der PCR und 16,0 µg des Fragmentes von pBBP24 in Gegenwart  
von 120 Weiss Units T4 DNA-Ligase (New England Biolabs) in  
einem Gesamtvolumen von 600 µl (50 mM Tris/HCl pH 7,8, 10 mM  
MgCl<sub>2</sub>, 10 mM DTT, 1 mM ATP, 50 µg/ml BSA) für 18 h bei 16°C  
10 inkubiert. Anschließend wurde die DNA gefällt, indem jeweils 24  
µl des Ligierungsansatzes mit 10 µg tRNA aus Hefe (Boehringer  
Mannheim), 25 µl 5 M Ammoniumacetat und 100 µl Ethanol versetzt  
wurden. Nach Inkubation bei -20°C für zwei Wochen wurde  
zentrifugiert (20 min, 16000 g, 4°C). Das Präzipitat wurde mit  
jeweils 150 µl Ethanol (70% v/v, -20°C) gewaschen und unter  
15 Vakuum getrocknet. Die DNA wurde schließlich in 80 µl TE/10  
aufgenommen.

Die Transformation von E. coli XL1-Blue Zellen mit der  
ligierten DNA durch Elektroporation wurde gemäß der in Beispiel  
20 1 beschriebenen Vorgehensweise durchgeführt, wobei in 16  
Ansätzen jeweils 40 µl Zellsuspension elektrokompenter Zellen  
mit 5 µl der DNA-Lösung gemischt wurden. Nach der  
Elektroporation wurden die Zellen sofort in 2 ml frischem,  
eiskaltem SOC-Medium verdünnt und für 60 min bei 37°C und 200  
25 Upm geschüttelt.

Die vereinigten Suspensionen wurden mit 168 ml 2xYT-Medium und  
mit 200 µl Ampicillin versetzt (Stammlosung 100 mg/ml,  
Endkonzentration 100 mg/l). Durch Ausplattieren von 100 µl  
30 einer 1:10<sup>4</sup>-Verdünnung der erhaltenen Zellsuspension auf Agar-  
Platten mit LB/Amp-Medium wurde die Gesamtzahl der erhaltenen  
Transformanten zu 1,48•10<sup>9</sup> abgeschätzt. Nach Inkubation für 60  
min bei 37°C und 160 Upm wurden die Transformanten mit 4 ml  
VCS-M13 Helferphage (6,3•10<sup>11</sup> pfu/ml, Stratagene) infiziert und  
35 für weitere 30 min bei 37°C und 160 Upm geschüttelt.  
Anschließend wurden 400 µl Kanamycin (Stammlosung 35 mg/ml,  
Endkonzentration 70 mg/l) zugegeben, die Inkubatortemperatur  
auf 26°C erniedrigt und nach 10 min zur Induktion der

Genexpression Anhydrotetracyclin (100  $\mu$ l einer 50  $\mu$ g/ml-Stammlosung in Dimethylformamid, Endkonzentration 25  $\mu$ g/l) zugesetzt. Zur Produktion der Phagemide wurde die Kultur schließlich für 7 h bei 26°C und 160 Upm inkubiert. Die  
5 Abtrennung der Zellen und die Reinigung der Phagemide durch Fällung erfolgte wie in Beispiel 1 beschrieben.

Zur Affinitätsanreicherung aus der Bibliothek der Phagemide, welche das partiell mutierte Mutein DigA präsentierte, wurden  
10 mit Streptavidin beschichtete paramagnetische Partikel (Dynabeads M-280 Streptavidin, Dynal) zusammen mit einem Doppelkonjugat von BSA mit Digoxigenin und Biotin eingesetzt.

Zur Herstellung eines Doppelkonjugates von BSA mit Digoxigenin  
15 und Biotin wurden 1,5 pmol (0,99 mg) DIG-NHS in 12,5  $\mu$ l DMSO und 1,5 pmol (0,68 mg) D-Biotinoyl- $\epsilon$ -aminocapronsäure-N-hydroxy-succinimidester (Boehringer Mannheim) in 12,5  $\mu$ l DMSO  $\mu$ l-weise und unter stetiger Durchmischung zu 300 nmol (19,88 mg) BSA in 1,9 ml 5 % w/v Natriumhydrogencarbonat gegeben. Der  
20 Ansatz wurde unter Rühren für 1 h bei RT inkubiert. Überschüssiges Reagenz wurde über eine PD-10 Gelfiltrations-säule nach den Angaben des Herstellers von dem Doppelkonjugat abgetrennt.

25 Zur Anreicherung Digoxigenin bindender Phagemide wurden 40  $\mu$ l einer 0,5  $\mu$ M Lösung des Doppelkonjugats (33,5  $\mu$ g/ml) in PBS mit 260  $\mu$ l einer Lösung der frisch präparierten Phagemide (zwischen  $5 \cdot 10^{11}$  und  $5 \cdot 10^{12}$  cfu/ml) gemischt und für 1 h bei RT inkubiert, so daß Komplexbildung zwischen der Digoxigenin-Gruppe und den  
30 von den Phagemiden präsentierten Muteinen eintreten konnte. Anschließend wurde 100  $\mu$ l einer Lösung von 8 % w/v BSA, 0,4 % v/v Tween 20 in PBS zugegeben.

Parallel wurden 100  $\mu$ l der kommerziell erhältlichen Suspension  
35 der paramagnetischen Partikel dreimal mit jeweils 100  $\mu$ l PBS gewaschen. Hierbei wurden die Partikel durch Rotation des 1,5 ml Eppendorfgefäßes für 1 min in Suspension gehalten, anschließend mit Hilfe eines Magneten an der Wand des

- Eppendorfgefäßes gesammelt und der Überstand abgezogen. Zur Absättigung unspezifischer Bindungsstellen wurden die paramagnetischen Partikel mit 100  $\mu$ l 2 % w/v BSA in PBST für 1 h bei RT inkubiert. Nach Entfernung des Überstandes wurden die
- 5 paramagnetischen Partikel mit der Mischung aus dem Doppelkonjugat und den Phagemiden versetzt, resuspendiert und für 10 min bei RT inkubiert. Zur Absättigung freier Biotin-Bindungsstellen des Streptavidins wurde die Mischung schließlich mit 10  $\mu$ l einer Lösung von 4  $\mu$ M D-Desthiobiotin
- 10 (Sigma) in PBS versetzt und für 5 min bei RT inkubiert. Auf diese Weise wurde auch verhindert, dass das Strep-tag II als Teil des Fusionsproteins aus den Muteinen und dem Fragment des Phagenhüllproteins pIII mit dem Streptavidin einen Komplex bilden konnte.
- 15 Zur Entfernung nicht gebundener Phagemide wurden die paramagnetischen Partikel achtmal mit jeweils 1 ml frischem PBST unter Zusatz von 1 mM D-Desthiobiotin gewaschen, die Partikel wurden mit Hilfe des Magneten gesammelt und der
- 20 Überstand wurde abgezogen. Die Elution der gebundenen Phagemide erfolgte durch 15minütige Inkubation der resuspendierten Partikel in 950  $\mu$ l 0,1 M Glycin/HCl pH 2,2. Nach Sammeln der Partikel am Magneten wurde der Überstand erneut abgezogen, und der pH-Wert dieser Lösung wurde im Anschluß daran sofort durch
- 25 Zugabe von 140  $\mu$ l 0,5 M Tris neutralisiert.
- Zur Vermehrung der Phagemide wurde die erhaltene Elutionsfraktion entsprechend der Vorgehensweise in Beispiel 1 mit 4 ml einer exponentiell wachsenden Kultur von E. coli XL1-
- 30 Blue ( $OD_{550} = 0,5$ ) gemischt und für 30 min bei 37°C, 200 Upm inkubiert. Die mit den Phagemiden infizierten Zellen wurden anschließend sedimentiert (2 min, 4420 g, 4°C), in 800  $\mu$ l frischem 2xYT-Medium resuspendiert und auf vier Agar-Platten mit LB/Amp-Medium (140 mm Durchmesser) ausplattiert. Nach
- 35 Inkubation für 14 h bei 32°C wurden die erhaltenen Kolonien unter Zusatz von je 10 ml 2xYT/Amp-Medium von den Agar-Platten abgeschabt, in einen sterilen Erlenmeyerkolben überführt und zur vollständigen Resuspendierung für 20 min bei 37°C, 200 Upm

geschüttelt.

- Zur wiederholten Produktion und Affinitätsanreicherung von Phagemidpartikeln wurde 50 ml auf 37 °C vorgewärmtes 2xYT/Amp-Medium mit 0,2 bis 1 ml dieser Suspension inokuliert, so daß die Zelldichte  $OD_{550}$  bei 0,08 lag. Diese Kultur wurde bei 37°C, 160 Upm bis zu einer Zelldichte von  $OD_{550} = 0,5$  inkubiert und mit 300 µl VCS-M13 Helferphage ( $6,3 \cdot 10^{11}$  pfu/ml, Stratagene) infiziert. Anschließend erfolgte eine erneute Affinitätsselektion mit den paramagnetischen Partikeln und dem Digoxigenin/Biotin-Doppelkonjugat unter den oben angegebenen Bedingungen. Auf diese Weise wurden insgesamt 4 Selektionszyklen durchgeführt.
- Die nach dem letzten Anreicherungszyklus erhaltenen Phagemide wurden wiederum zur Infektion von *E. coli* XL1-Blue verwendet. Mit der Mischung der erhaltenen Kolonien, die, wie oben beschrieben, mit 2xYT/Amp-Medium von den Agar-Platten abgeschabt und resuspendiert worden waren, wurden 50 ml 2xYT/Amp-Medium angeimpft und die Phasmid-DNA unter Verwendung des QIAprep Spin Miniprep Kits (QIAGEN) gemäß den Angaben des Herstellers isoliert.
- Anschließend wurde die Genkassette zwischen den beiden *Bst*XI-Schnittstellen wie in Beispiel 1 aus dem Vektor pBBP24 in den Vektor pBBP22 subkloniert und kompetente Zellen des Stamms *E. coli* TG1-F<sup>-</sup> nach der CaCl<sub>2</sub>-Methode transformiert. Die Transformanten wurden schließlich wiederum gemäß Beispiel 1 auf die Produktion von Muteinen mit Bindungsaktivität für die Digoxigenin-Gruppe mittels des Colony Screening Assays durchgemustert.
- Sieben der Kolonien, die im Colony Screening Assay eine starke Signalintensität aufwiesen, wurden kultiviert. Ihre Plasmid-DNA wurde mit Hilfe des Plasmid Miniprep Spin Kits (Genomed) nach den Angaben des Herstellers isoliert und der für das Mutein kodierende Genabschnitt wurde wie in Beispiel 1 einer Sequenzanalyse unterzogen. Dabei wurde gefunden, daß alle

untersuchten Plasmide unterschiedliche Sequenzen besaßen. Nach Übersetzung der Nukleotidsequenzen in Aminosäuresequenzen wiesen sechs der sieben untersuchten Varianten ein Amber Stopp-Kodon an der Aminosäureposition 28 auf. Dieses Stopp-Kodon wurde allerdings bei der Wahl geeigneter Amber-Suppressor-  
5 stämme, wie zum Beispiel *E. coli* XL1-Blue oder TG1-F<sup>-</sup>, zumindest teilweise supprimiert und statt dessen als Glutamin translatiert. Somit wurde sowohl im Verlauf der Affinitätsanreicherung als auch beim Colony Screening Assay  
10 funktionelles Protein in voller Länge produziert.

Als einziges unter den gefundenen Muteinen wies das Mutein mit der SEQ ID NO:15 kein Amber-Stoppkodon auf, so daß es sich zur bakteriellen Produktion besonders gut eignete. Dieses Mutein,  
15 auch als DigA16 bezeichnet, wurde demzufolge hinsichtlich seiner Bindefähigkeit für die Digoxigenin-Gruppe genauer charakterisiert.

20 Beispiel 3: Produktion der Muteine DigA und DigA16 und Ermittlung ihrer Affinität für Digoxigenin und dessen Derivate durch Fluoreszenztitration

Zur präparativen Produktion der aus den vorangegangenen Beispielen erhaltenen Muteine des Bilin-Bindungsproteins wurde  
25 der kodierende Genabschnitt zwischen den beiden BstXI-Schnittstellen aus dem Vektor des Typs pBBP22 in das Expressionsplasmid pBBP21 subkloniert. Das dabei erhaltene Plasmid kodierte für ein Fusionsprotein aus der OmpA-Signalsequenz, gefolgt von dem Mutein und dem Strep-tag II-Affinitätsanhangsel.  
30

Ein relevanter Ausschnitt aus der Nukleinsäuresequenz von pBBP21 ist mit der kodierten Aminosäuresequenz im  
35 Sequenzprotokoll als SEQ ID NO:16 wiedergegeben. Der Ausschnitt beginnt mit der XbaI-Schnittstelle und endet mit einem Hexanukleotid, das durch Ligierung eines stumpfen Stranges mit einem aufgefüllten HindIII-Strangende erhalten wurde, wobei

die ursprüngliche *HindIII*-Schnittstelle verloren ging. Die Vektorelemente außerhalb dieses Bereichs sind identisch mit dem Vektor pASK75.

- 5 Zur Subklonierung wurde die für das jeweilige Mutein kodierende Plasmid-DNA mit dem Restriktionsenzym *BstXI* geschnitten und das kleinere der beiden Fragmente (335 bp) durch präparative Agarose-Gelelektrophorese wie in Beispiel 1 beschrieben gereinigt. In gleicher Weise wurde die DNA des Vektors pBBP21  
10 mit *BstXI* geschnitten und das größere der beiden Fragmente (4132 bp) isoliert.

- Zur Ligierung wurden jeweils 50 fmol der beiden DNA-Fragmente in einem Gesamtvolumen von 20 µl (30 mM Tris/HCl pH 7,8, 10 mM  
15 MgCl<sub>2</sub>, 10 mM DTT, 1 mM ATP) mit 1,5 Weiss Units T4 DNA Ligase (Promega) versetzt und für 16 h bei 16°C inkubiert. Mit 5 µl des Ligierungsansatzes wurde dann *E. coli* JM83 (Yanisch-Perron et al., Gene 33 (1985), 103-119) nach der CaCl<sub>2</sub>-Methode transformiert, wobei 2,2 ml einer Zellsuspension erhalten  
20 wurden. Von dieser Suspension wurden 100 µl auf einer Agar-Platte mit LB/Amp-Medium ausplattiert und für 14 h bei 37°C inkubiert.

- Zur Proteinproduktion wurde eine der erhaltenen Einzelkolonien  
25 ausgewählt, eine 50 ml-Vorkultur (LB/Amp-Medium) damit angeimpft und bei 30°C und 200 Upm über Nacht inkubiert. 40 ml der Vorkultur wurden auf 2 l LB/Amp-Medium in einem 5 l-Erlenmeyerkolben überimpft, woraufhin die Kultur bei 22°C und 200 Upm inkubiert wurde. Bei einer Zelldichte von OD<sub>550</sub> = 0,5  
30 wurde die Genexpression durch Zugabe von 200 µg/l Anhydrotetracyclin (200 µl einer 2 mg/ml-StammLösung in DMF) induziert und für weitere 3 h bei 22°C, 200 Upm geschüttelt.

- Die Zellen wurden abzentrifugiert (15 min, 4420 g, 4°C) und  
35 nach Entfernung des Überstands unter Kühlung auf Eis in 20 ml Periplasma-Aufschlußpuffer (100 mM Tris/HCl pH 8,0, 500 mM Saccharose, 1 mM EDTA) resuspendiert. Nach Inkubation für 30 min auf Eis wurden die Spharoplasten in zwei aufeinander-

folgenden Zentrifugationsschritten abgetrennt (15 min, 4420 g, 4°C und 15 min, 30000 g, 4°C). Der so gewonnene periplasmatische Proteinextrakt wurde gegen SA-Puffer (100 mM Tris/HCl pH 8,0, 150 mM NaCl, 1 mM EDTA) dialysiert, 5 sterilfiltriert und zur chromatographischen Reinigung eingesetzt.

Die Reinigung erfolgte mittels des an den C-Terminus der Muteine fusionierten Strep-tag II-Affinitätsanhängsels (Schmidt 10 und Skerra, Protein Eng. 6 (1993), 109-122). Im vorliegenden Fall wurde das Streptavidinmucin "1" eingesetzt (Voss und Skerra, Protein Eng. 10 (1997), 975-982), welches (mit 5 mg/ml immobilisiertem Streptavidin, bezogen auf das Bettvolumen der Matrix) an eine aktivierte Sepharose gekoppelt war.

15 Eine mit 2 ml dieses Materials befüllte Chromatographiesäule wurde bei 4°C und einer Flußrate von 20 ml/h mit 10 ml SA-Puffer aquilibriert. Die Chromatographie wurde durch Messung der Absorption bei 280 nm des Eluats in einem Durchfluß- 20 Photometer verfolgt. Nach dem Auftragen des periplasmatischen Proteinextrakts wurde bis zum Erreichen der Basislinie mit SA-Puffer gewaschen. Gebundenes Mucin wurde anschließend mit 10 ml einer Lösung von 2,5 mM D-Desthiobiotin (Sigma) in SA-Puffer eluiert. Die Fraktionen, die das gereinigte Mucin enthielten, 25 wurden mittels der SDS-Polyacrylamid-Gelelektrophorese (Fling und Gregerson, Anal. Biochem. 155 (1986), 83-88) überprüft und vereinigt. Die Proteinausbeuten lagen zwischen 200 µg und 800 µg je 2 l Kultur.

30 Die Liganden-Bindungseigenschaften der Muteine DigA, DigA16 sowie des rekombinanten Bilin-Bindungsproteins (SEQ ID NO:16) wurden mittels der Methode der Fluoreszenztitration bestimmt. Gemessen wurde dabei die Abnahme der intrinsischen Tyrosin- und/oder Tryptophan-Fluoreszenz des Proteins bei Komplexbildung 35 mit dem Liganden. Die Messungen erfolgten mit einem Fluoreszenzphotometer des Typs LS 50 B (Perkin Elmer) bei einer Anregungswellenlänge von 295 nm (Spaltbreite 4 nm) und einer Emissionswellenlänge von 345 nm (Spaltbreite 6 nm). Als

Liganden wurden Digoxigenin (Fluka), Digoxin (Fluka), Digitoxigenin (Fluka), Digitoxin (Fluka), Testosteron (Sigma), Ouabain (Fluka) sowie 4-Aminofluorescein (Fluka) eingesetzt. Die Liganden zeigten bei den angegebenen Wellenlängen keine  
5 signifikante Eigenfluoreszenz oder Absorption.

Als Puffersystem diente PBS unter Zusatz von 1 mM EDTA. Die Lösung des jeweiligen gereinigten Muteins wurde viermal gegen diesen Puffer dialysiert und durch Verdunnen auf eine  
10 Konzentration von 1  $\mu$ M eingestellt. Alle verwendeten Lösungen wurden sterilfiltriert (Filtropur S 0,45  $\mu$ m, Sarstedt). Die Konzentrationsbestimmung erfolgte mittels der Absorption bei 280 nm unter Verwendung kalkulatorischer Extinktionskoeffizienten von 53580  $M^{-1} cm^{-1}$  für DigA und DigA16 (Wisconsin  
15 Software Package, Genetics Computer Group). Für Bbp wurde der nach Gill und von Hippel (Anal. Biochem. 182 (1989), 319-326) in Gegenwart von Guanidiniumchlorid korrigierte kalkulatorische Extinktionskoeffizient von 54150  $M^{-1} cm^{-1}$  verwendet.

20 Zur Messung wurden 2 ml der Muteinlösung in einer Quarzkuvette, die mit einem Ruhrfisch ausgestattet war, vorgelegt und im Probenhalter des Photometers auf 25°C temperiert. Anschließend wurden insgesamt 40  $\mu$ l einer 100  $\mu$ M bis 500  $\mu$ M Lösung des Liganden in demselben Puffer in Schritten von 1  $\mu$ l bis 4  $\mu$ l  
25 zupipettiert. Die dabei stattfindende Verdünnung der vorgelegten Proteinlösung um insgesamt maximal 2 % blieb bei der nachfolgenden Auswertung der Daten unberücksichtigt. Nach jedem Titrationsschritt wurde zur Gleichgewichtseinstellung für 1 min unter Rühren inkubiert und das Fluoreszenzsignal als  
30 Mittelwert über 10 s gemessen. Nach Abzug des Fluoreszenzwertes für den Puffer wurden die Signale auf einen Anfangswert von 100 % normiert.

Die so erhaltenen Meßwerte einer Titrationsreihe wurden gemäß  
35 folgender Formel durch nicht-lineare Regression mit Hilfe des Computerprogramms Kaleidagraph (Abelbeck Software) angepaßt.



$$F = ([P]_t - [L]_t - K_d) \frac{f_P}{2} + ([P]_t + [L]_t + K_d) \frac{f_{PL}}{2} + (f_P - f_{PL}) \sqrt{\frac{([P]_t + [L]_t + K_d)^2}{4} - [P]_t [L]_t}$$

- 5 Dabei bedeuten F die normierte Fluoreszenzintensität und  $[L]_t$  die Gesamtkonzentration des Liganden bei dem jeweiligen Titrationsschritt.  $[P]_t$  als die Konzentration des Muteins,  $f_{PL}$  als Fluoreszenzkoeffizient des Mutein-Ligandkomplexes und  $K_d$  als die thermodynamische Dissoziationskonstante dieses
- 10 Komplexes wurden als freie Parameter an die normierten Daten angepaßt.

- Das Ergebnis der Fluoreszenztitrationen des Muteins DigA16 mit den Liganden Digoxigenin, Digitoxigenin und Ouabain ist in
- 15 Figur 1 graphisch dargestellt. Es zeigt sich, daß Digitoxigenin noch starker gebunden wird als Digoxigenin, während für Ouabain keine Bindung beobachtet wird.

- Die aus den Fluoreszenztitrationen resultierenden Werte für die
- 20 Dissoziationskonstanten der Komplexe aus den Muteinen des Bilin-Bindungsproteins und den verschiedenen Liganden sind in folgender Tabelle zusammengefaßt:

	<u>Bbp-Variante</u>	<u>Ligand</u>	<u><math>K_d</math> [nM]</u>
25	Bbp:	Digoxigenin	- *
	DigA:	Digoxigenin	$295 \pm 37$
		Digoxin	$200 \pm 34$
	DigA16:	Digoxigenin	$30,2 \pm 3,6$
		Digoxin	$31,1 \pm 3,2$
30		Digitoxigenin	$2,8 \pm 2,7$
		Digitoxin	$2,7 \pm 2,0$
		Ouabain	- *
		Testosteron	- *
		4-Aminofluorescein	- *

35

'keine nachweisbare Bindungsaktivität

Beispiel 4: Herstellung von Fusionsproteinen aus dem Mutein DigA16 und der bakteriellen Alkalischen Phosphatase und Verwendung zum Nachweis von Digoxigeningruppen in einem ELISA sowie im Western Blot

5

Um zwei verschiedene Fusionsproteine aus dem Mutein DigA16 und der bakteriellen Alkalischen Phosphatase (PhoA) mit unterschiedlicher Anordnung der Partner innerhalb der Polypeptidkette zu produzieren, wurden unter Einsatz der dem Fachmann gelaufigen molekularbiologischen Methoden die beiden Expressionsplasmide pBBP27 und pBBP29 konstruiert.

10

pBBP27 kodiert für ein Fusionsprotein aus PhoA einschließlich deren Signalsequenz, einem kurzen Peptid-Verbindungsstück mit der Aminosäuresequenz Pro-Pro-Ser-Ala, der dem maturen Mutein DigA16 entsprechenden Sequenz sowie dem Strep-tag 11. Ein relevanter Ausschnitt aus der Nukleinsäuresequenz von pBBP27 ist mit der kodierten Aminosäuresequenz im Sequenzprotokoll als SEQ ID NO:17 wiedergegeben. Der Ausschnitt beginnt mit der XbaI-Schnittstelle und endet mit der HindIII-Schnittstelle. Die Vektorelemente außerhalb dieses Bereichs sind identisch mit dem Vektor pBBP21.

15

20

pBBP29 kodiert für ein Fusionsprotein aus DigA16 mit vorangestellter OmpA-Signalsequenz, gefolgt von der Peptidsequenz für das Strep-tag II, einer Sequenz von 5 Glycinresten und der maturen Sequenz der PhoA ohne die N-terminale Aminosäure Arginin. Ein relevanter Ausschnitt aus der Nukleinsäuresequenz von pBBP29 ist mit der kodierten Aminosäuresequenz im Sequenzprotokoll als SEQ ID NO:18 wiedergegeben. Der Ausschnitt beginnt mit der XbaI-Schnittstelle und endet mit der HindIII-Schnittstelle. Die Vektorelemente außerhalb dieses Bereichs sind identisch mit dem Vektor pBBP21.

25

30

35

Beide Plasmide kodieren zusätzlich für die bakterielle Protein-Disulfidisomerase DsbC auf einem separaten, in 3'-Richtung gelegenen Cistron. Die Plasmide sind in Figur 2 schematisch

dargestellt.

Die von den Plasmiden pBBP27 und pBBP29 kodierten Fusionsproteine wurden analog der in Beispiel 3 beschriebenen Methode zur Herstellung der einfachen Muteine produziert. Um nicht die Metallionen aus dem aktiven Zentrum der PhoA zu komplexieren, wurde der Aufschluß des bakteriellen Periplasmas mit EDTA-freiem Aufschlußpuffer durchgeführt. Als ein die äußere Zellmembran destabilisierendes Agens wurde dem Puffer Polymyxin-B-sulfat (2 mg/ml, Sigma) zugegeben. Alle weiteren zur Reinigung eingesetzten Puffer waren ebenfalls EDTA-frei.

Die mittels des Strep-tag II durch Affinitätschromatographie gereinigten Fusionsproteine wurden über Nacht gegen PBS-Puffer dialysiert. Die Ausbeuten der Fusionsproteine lagen zwischen 100 und 200 µg je 2 l Kulturmedium. Die Reinheit der erhaltenen Fusionsproteine wurde durch SDS-Polyacrylamidgelelektrophorese, entsprechend Beispiel 3, überprüft und zu 90-95 % bestimmt. Anschließend wurden die Fusionsproteine zum direkten Nachweis von Konjugaten der Digoxigenin-Gruppe mit verschiedenen Proteinen sowohl in einem Sandwich-ELISA als auch im Western-Blot verwendet.

Während die verwendeten Konjugate von Digoxigenin mit RNaseA und BSA entsprechend Beispiel 1 hergestellt wurden, wurde ein Konjugat von Digoxigenin mit Ovalbumin (Sigma) hergestellt, indem 1,5 µmol (0,99 mg) DIG-NHS in 25 µl DMSO µl-weise und unter stetiger Durchmischung zu 300 nmol (13,5 mg) Ovalbumin in 1,9 ml 5 % Natriumhydrogencarbonat gegeben wurden. Der Ansatz wurde unter Rühren für 1 h bei RT inkubiert. Überschüssiges Reagenz wurde über eine PD-10 Gelfiltrationssäule nach den Angaben des Herstellers von dem Ovalbumin-Konjugat abgetrennt.

Zum Nachweis von Digoxigenin-Gruppen in einem Sandwich-ELISA wurden die Vertiefungen von jeweils zwei Spalten einer Mikrotiterplatte (ELISA-Strips, 2x8 Well mit hoher Bindekapazität, F-Form, Greiner) mit je 100 µl einer 100 µg/ml-Lösung des BSA-Digoxigenin-Konjugates bzw. des Ovalbumin-

Digoxigenin-Konjugates in PBS gefüllt und über Nacht bei RT inkubiert. Als Kontrolle wurden die Vertiefungen einer fünften Spalte der Mikrotiterplatte mit 100  $\mu$ l einer 100  $\mu$ g/ml Lösung von nicht konjugiertem BSA (Sigma) in PBS befüllt und ebenfalls  
5 über Nacht bei RT inkubiert. Nach Entfernen der Lösung wurden unbelegte Bindungsstellen mit 200  $\mu$ l einer Lösung von 2 % w/v BSA in PBST für 2 h abgesättigt. Nach dreimaligem Waschen mit PBST wurde jeweils in die erste Vertiefung einer Reihe 50  $\mu$ l einer 1  $\mu$ M Lösung des gereinigten Fusionsproteins gefüllt und  
10 die Tween-Konzentration durch Zugabe von 1  $\mu$ l einer Lösung von 5 % v/v Tween auf 0,1 % v/v eingestellt. In den darauffolgenden Vertiefungen jeder Reihe wurden zunächst 50  $\mu$ l PBST vorgelegt. Anschließend wurde jeweils in die zweite Vertiefung 50  $\mu$ l des gereinigten Fusionsproteins pipettiert, gemischt und davon  
15 ausgehend in den weiteren Vertiefungen der Spalte schrittweise 1:2 Verdünnungen zubereitet. Nach 1 h Inkubation bei RT wurden die Vertiefungen zweimal mit PBST und zweimal mit PBS gewaschen. Der Nachweis der an die Digoxigeningruppen gebundenen Fusionsproteine erfolgte schließlich mittels der  
20 durch die Alkalische Phosphatase katalysierten Hydrolyse von p-Nitrophenylphosphat. Dazu wurden 100  $\mu$ l einer Lösung von 0,5 mg/ml p-Nitrophenylphosphat (Amresco) in AP-Puffer (100 mM NaCl, 5 mM  $MgCl_2$ , 100 mM Tris/HCl pH 8,8) in die Vertiefungen gefüllt und die Produktbildung durch Messung der Absorption bei  
25 405 nm in einem SpectraMax 250-Photometer (MolecularDevices) verfolgt.

Das Ergebnis dieser Messung ist in Figur 3 wiedergegeben. Dementsprechend wird die Digoxigeningruppe sowohl als Konjugat  
30 mit BSA wie auch als Konjugat mit Ovalbumin erkannt, was darauf schließen läßt, daß die Bindung durch das Mutein DigA16 kontextunabhängig erfolgt. Weiterhin sind beide Fusionsproteine sowohl hinsichtlich der Bindungsfunktion für die Digoxigeningruppe als auch enzymatisch aktiv, und sie geben  
35 trotz ihres unterschiedlichen Aufbaus Anlaß zu nahezu identischen Signalen.

Zur Verwendung der von den Vektoren pBBP27 und pBBP29 kodierten

Fusionsproteine im Western-Blot wurden 5  $\mu$ l einer Proteinmischung in PBS, deren Konzentration an Digoxigenin-BSA-Konjugat, Digoxigenin-Ovalbumin-Konjugat und Digoxigenin-RNaseA-Konjugat gleichzeitig jeweils 100  $\mu$ g/ml betrug, sowie 5  $\mu$ l einer Proteinmischung in PBS, deren Konzentration an nicht-derivatisiertem BSA, Ovalbumin und RNaseA ebenfalls gleichzeitig jeweils 100  $\mu$ g/ml betrug, zunächst durch SDS-Polyacrylamid-Gelelektrophorese aufgetrennt. Anschließend wurde das Proteingemisch durch Elektrotransfer auf Nitrozellulose übertragen (Blake et al., Anal. Biochem. 136 (1984), 175-179). Die Membran wurde anschließend dreimal für 5 min in 10 ml PBST gewaschen und für 1 h mit 10 ml einer 0,5  $\mu$ M Lösung jeweils eines der beiden Fusionsproteine inkubiert. Danach wurde die Membran zweimal für 5 min in 10 ml PBST und zweimal für 5 min in 10 ml PBS gewaschen und schließlich für 10 min in 10 ml AP-Puffer geschwenkt. Zur chromogenen Nachweisreaktion wurde die Membran in 10 ml AP-Puffer, dem 30  $\mu$ l BCIP (50  $\mu$ g/ml in Dimethylformamid) und 5  $\mu$ l NBT (75  $\mu$ g/ml in 70 % v/v Dimethylformamid) zugesetzt waren, inkubiert und auf diese Weise gebundenes Fusionsprotein nachgewiesen.

Das Ergebnis dieses Nachweisverfahrens ist in Figur 4 wiedergegeben. Es zeigt sich wiederum, daß die Bindung der Digoxigeningruppe durch beide Fusionsproteine unabhängig vom Trägerprotein ist, und daß mit beiden Fusionsproteinen vergleichbare Signalintensitäten erzielt werden. Dieselben Trägerproteine führen zu keinerlei Signal, wenn sie nicht mit der Digoxigeningruppe konjugiert sind.

Patentansprüche

1. Polypeptid, ausgewählt aus Muteinen des Bilin-Bindungsproteins, dadurch gekennzeichnet, daß es
- 5 (a) Digoxigenin oder Konjugate des Digoxigenins zu binden vermag,
- (b) Ouabain, Testosteron und 4-Aminofluorescein nicht bindet und
- (c) an mindestens einer der Sequenzpositionen 28, 31,
- 10 34, 35, 36, 37, 58, 60, 69, 88, 90, 95, 97, 114, 116, 125 und 127 des Bilin-Bindungsproteins eine Aminosäuresubstitution aufweist.
2. Polypeptid nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet,
- 15 daß die Dissoziationskonstante des Komplexes mit Digoxigenin 100 nM oder kleiner ist.
3. Polypeptid nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß es mindestens eine der
- 20 Aminosäuresubstitutionen ausgewählt aus Glu(28)->Gln, Lys(31)->Ala, Asn(34)->Asp, Ser(35)->His, Val(36)->Ile, Glu(37)->Thr, Asn(58)->Arg, His(60)->Ser, Ile(69)->Ser, Leu(88)->Tyr, Tyr(90)->Ile, Lys(95)->Gln, Asn(97)->Gly, Tyr(114)->Phe, Lys(116)->Ser, Gln(125)->Met und Phe(127)->Leu im Vergleich zum
- 25 Bilin-Bindungsprotein trägt.
4. Polypeptid nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, daß es die in SEQ ID NO. 15 dargestellte Aminosäuresequenz aufweist.
- 30
5. Polypeptid nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß es mindestens eine Markierungsgruppe, ausgewählt aus Enzymmarkierung, radioaktiver Markierung, Fluoreszenzmarkierung, Chromophormarkierung, (Bio)-
- 35 Lumineszenzmarkierung oder Markierung mit Haptenen, Biotin, Metallkomplexen, Metallen oder kolloidalem Gold, trägt.
6. Fusionsproteine von Polypeptiden nach einem oder

mehreren der Ansprüche 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet,  
daß ein Enzym, ein anderes Protein oder eine Proteindomäne,  
eine Signalsequenz und/oder ein Affinitätspeptid an den  
Aminoterminal des Polypeptids in operabler Weise fusioniert  
5 ist.

7. Fusionsproteine von Polypeptiden nach einem oder  
mehreren der Ansprüche 1 bis 6, dadurch gekennzeichnet, daß ein  
Enzym, ein anderes Protein oder eine Proteindomäne, eine  
10 Targeting-Sequenz und/oder ein Affinitätspeptid an den  
Carboxyterminal des Polypeptids in operabler Weise fusioniert  
ist.

8. Nukleinsäure, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine  
15 für ein Mutein oder ein Fusionsprotein eines Muteins des Bilin-  
Bindungsproteins nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 7  
kodierende Sequenz umfaßt.

9. Nukleinsäure nach Anspruch 8, dadurch  
20 gekennzeichnet, daß sie die Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO.  
15 oder eine andere das Polypeptid gemäß SEQ ID NO. 15  
codierende Nukleotidsequenz umfaßt.

10. Verfahren zur Gewinnung von Digoxigenin bindenden  
25 Muteinen des Bilin-Bindungsproteins, das die Schritte umfaßt:

(a) das Bilin-Bindungsprotein an mindestens einer der  
Sequenzpositionen 28, 31, 34, 35, 36, 37, 58, 60, 69, 88, 90,  
95, 97, 114, 116, 125 und 127 einer Zufallsmutagenese zu  
unterwerfen,

30 (b) resultierende Muteine mit Bindungsaffinität zur  
Digoxigenin-Gruppe durch Selektion anzureichern und zu  
isolieren,

(c) die in Schritt (b) erhaltenen Muteine an mindestens  
einer der Sequenzpositionen 28, 31, 34, 35, 36 und 37 einer  
35 erneuten Zufallsmutagenese zu unterwerfen, und

(d) die resultierenden Muteine wiederum durch Selektion  
anzureichern und zu isolieren.

11. Verfahren nach Anspruch 10, wobei in Schritt (b) die Selektion durch kompetitive Anreicherung durchgeführt wird.

12. Verfahren nach Anspruch 11, wobei freies  
5 Digoxigenin oder Digitoxinogenin zur kompetitiven Anreicherung verwendet wird.

13. Verfahren nach einem der Ansprüche 10 bis 13, wobei die Anreicherung in Schritt (d) durch Komplexbildung der  
10 Muteine mit der Digoxigeningruppe und anschließender Dissoziation des Komplexes durchgeführt wird.

14. Verfahren nach Anspruch 13, wobei die Dissoziation des Komplexes aus Mutein und Digoxigeningruppe in saurem oder  
15 basischem Milieu durchgeführt wird.

15. Verfahren zur Herstellung eines Muteins oder eines Fusionsproteins eines Muteins des Bilin-Bindungsproteins nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 7 oder zur Herstellung  
20 eines Muteins, das nach einem Verfahren gemäß einem oder mehreren der Ansprüche 10 bis 14 erhaltlich ist, dadurch gekennzeichnet, daß die für das Mutein oder das Fusionsprotein eines Muteins des Bilin-Bindungsproteins kodierende Nukleinsäure in einer bakteriellen oder eukaryontischen  
25 Wirtszelle zur Expression gebracht wird und das Polypeptid aus der Zelle oder dem Kulturüberstand gewonnen wird.

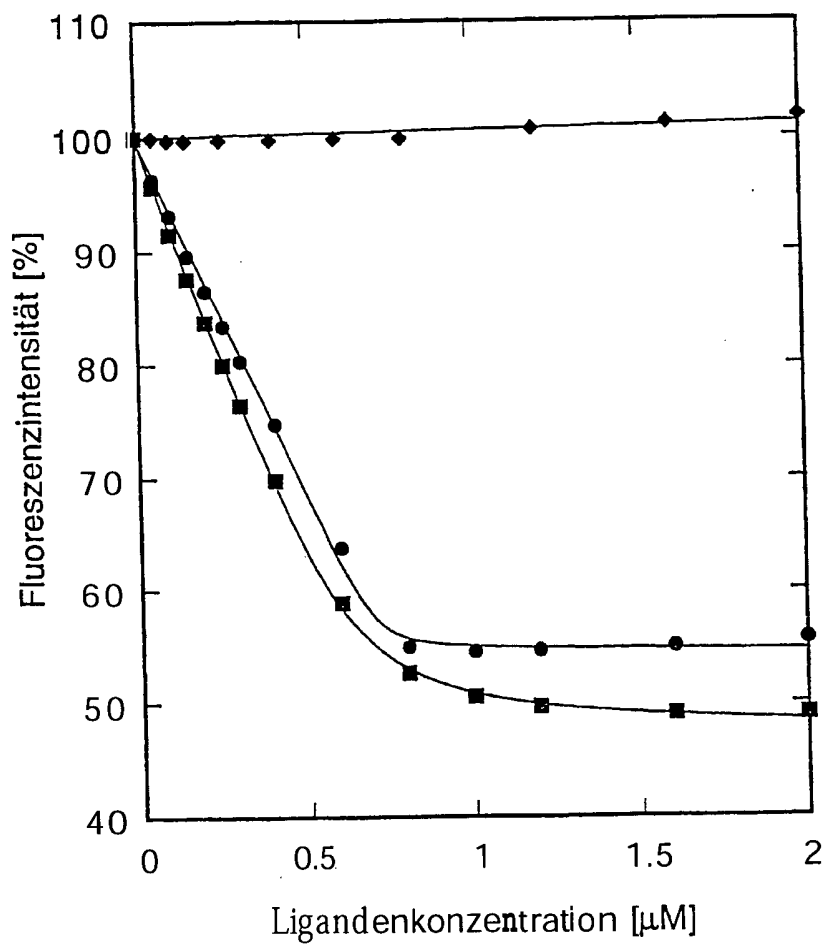
16. Verwendung eines Muteins oder eines Fusionsproteins eines Muteins des Bilin-Bindungsproteins nach einem oder  
30 mehreren der Ansprüche 1 bis 7 oder eines Muteins, das nach einem Verfahren gemäß einem oder mehreren der Ansprüche 10 bis 14 erhaltlich ist, zur Bindung, zum Nachweis, zur Bestimmung, Immobilisierung oder zur Abtrennung von Digoxigenin oder von Konjugaten des Digoxigenins mit Proteinen, Nukleinsäuren,  
35 Kohlenhydraten, anderen biologischen oder synthetischen Makromolekülen oder niedermolekularen chemischen Verbindungen.

17. Verfahren zum Nachweis der Digoxigeningruppe, wobei

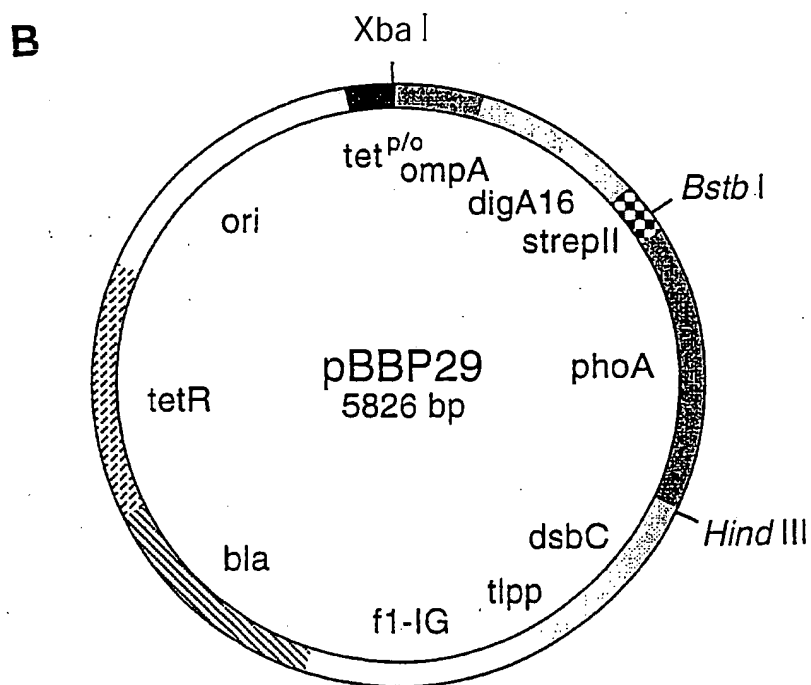
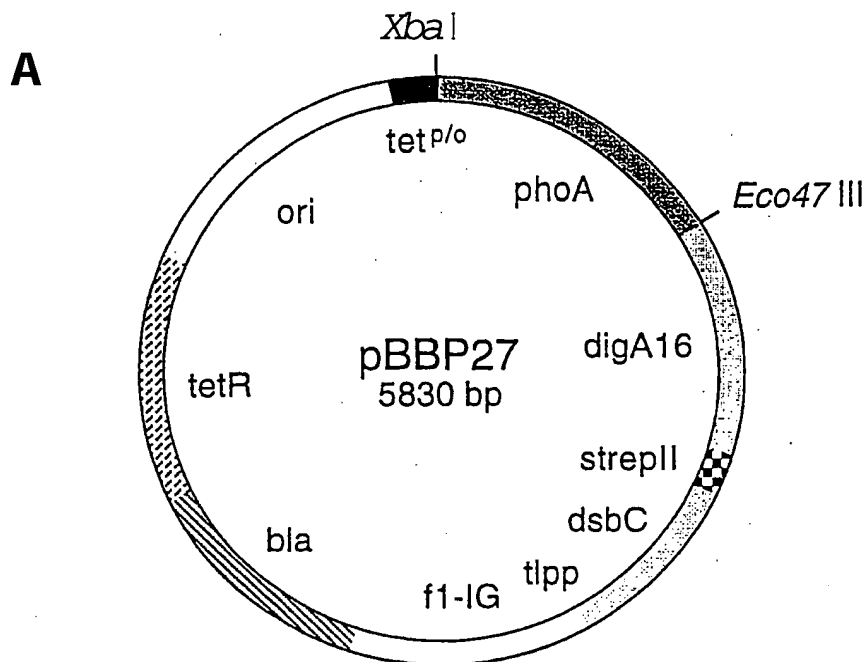


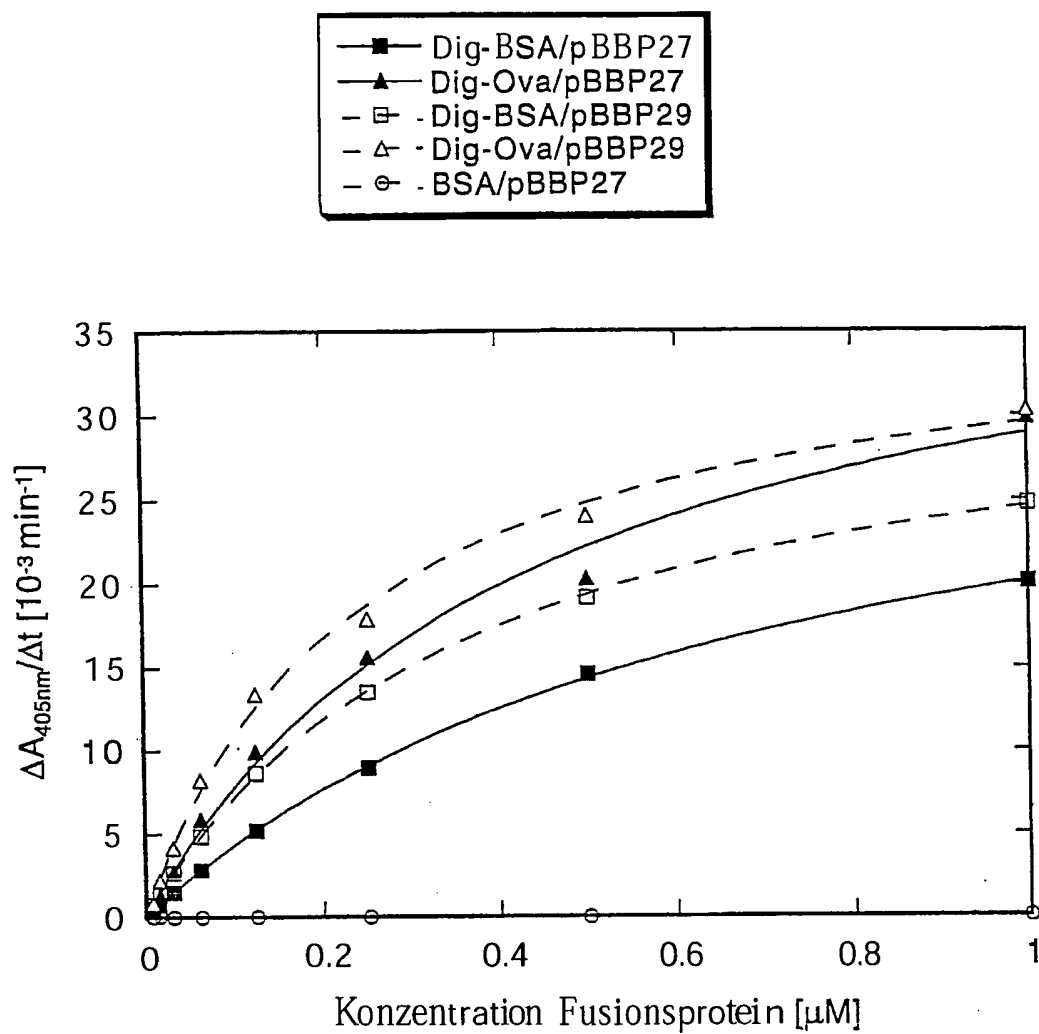
ein Mutein des Bilin-Bindungsproteins oder ein Fusionsprotein eines Muteins des Bilin-Bindungsproteins nach einem oder mehreren der Ansprüche 1 bis 7 oder ein Mutein, das nach einem Verfahren gemäß einem oder mehreren der Ansprüche 10 bis 14  
5 erhaltlich ist, mit Digoxigenin oder mit Konjugaten des Digoxigenins unter geeigneten Bedingungen, um eine Bindung des Muteins an die Digoxigenin-Gruppe zu bewirken, in Kontakt gebracht und das Mutein oder das Fusionsprotein des Muteins bestimmt wird.

1/4

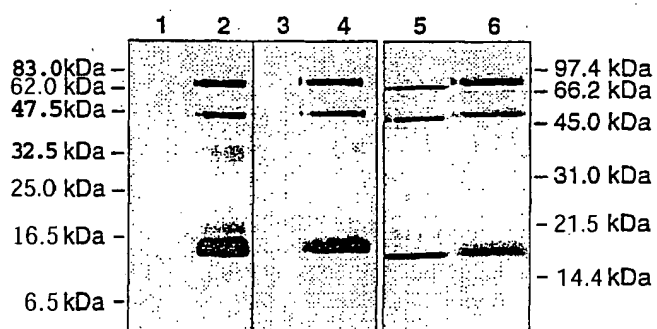
**Figur 1**

2/4

**Figur 2**

**Figur 3**

4/4

**Figur 4**

## Sequenzprotokoll

<110> Skerra, Arne, Prof. Dr.

5 <120> Muteine des Bilin-Bindungsproteins

<150> DE 199 26 068.0

<151> 1999-06-08

10 <160> 18

<210> 1

<211> 1219 Basenpaare

<212> DNA

15 <213> kiinstliche Sequenz

<220>

<221> sig\_peptide

<222> (22)...(84)

20

<220>

<221> mat-peptide

<222> (85)...(1209)

25 <223> Fusionsprotein aus Bilin-Bindungsprotein, Strep-tag II und Fragment des  
Phagen-Hullproteins pIII

<220>

<221> CDS

<222> (85)...(606)

30 <223> matures Bilin-Bindungsprotein

<220>

<221> CDS

<222> (607)...(636)

35 <223> Strep-tag II-Affinitätsanhängsel

<220>

<221> CDS

<222> (637)...(639)

40 <223> Amber Stop-Codon

<220>

<221> CDS

<222> (640)...(1209)

45 <223> Aminosäuren 217-406 des Hüllproteins pIII

&lt;400&gt; 1

TCTAGTTAAC GAGGGCAAAA A ATG AAA AAG ACA GCT ATC GCG ATT 45  
 Met Lys Lys Thr Ala Ile Ala Ile  
 -21 -20 -15  
 5  
 GCA GTG GCA CTG GCT GGT TTC GCT ACC GTA GCG CAG GCC GAC GTG 90  
 Ala Val Ala Leu Ala Gly Phe Ala Thr Val Ala Gln Ala Asp Val  
 -10 -5 -1 1  
 10  
 TAC CAC GAC GGT GCC TGT CCC GAA GTC AAG CCA GTC GAC AAC TTC 135  
 Tyr His Asp Gly Ala Cys Pro Glu Val Lys Pro Val Asp Asn Phe  
 5 10 15  
 15  
 GAC TGG TCC CAG TAC CAT GGT AAA TGG TGG GAA GTC GCC AAA TAC 180  
 Asp Trp Ser Gln Tyr His Gly Lys Trp Trp Glu Val Ala Lys Tyr  
 20 25 30  
 20  
 CCC AAC TCA GTT GAG AAG TAC GGA AAG TGC GGA TGG GCT GAG TAC 225  
 Pro Asn Ser Val Glu Lys Tyr Glu Lys Cys Gly Trp Ala Glu Tyr  
 35 40 45  
 25  
 ACT CCT GAA GGC AAG AGT GTC AAA GTT TCG AAC TAC CAC GTA ATC 270  
 Thr Pro Glu Gly Lys Ser Val Lys Val Ser Asn Tyr His Val Ile  
 50 55 60  
 30  
 CAC GGC AAG GAA TAC TTT ATT GAA GGA ACT GCC TAC CCA GTT GGT 315  
 His Gly Lys Glu Tyr Phe Ile Glu Gly Thr Ala Tyr Pro Val Gly  
 65 70 75  
 30  
 GAC TCC AAG ATT GGA AAG ATC TAC CAC AGC CTG ACT TAC GGA GGT 360  
 Asp Ser Lys Ile Gly Lys Ile Tyr His Ser Leu Thr Tyr Gly Gly  
 80 85 90  
 35  
 GTC ACC AAG GAG AAC GTA TTC AAC GTA CTC TCC ACT GAC AAC AAG 405  
 Val Thr Lys Glu Asn Val Phe Asn Val Leu Ser Thr Asp Asn Lys  
 95 100 105  
 40  
 AAC TAC ATC ATC GGA TAC TAC TGC AAA TAC GAC GAG GAC AAG AAG 450  
 Asn Tyr Ile Ile Gly Tyr Tyr Cys Lys Tyr Asp Glu Asp Lys Lys  
 110 115 120  
 45  
 GGA CAC CAA GAC TTC GTC TGG GTG CTC TCC AGA AGC ATG GTC CTT 495  
 Gly His Gln Asp Phe Val Trp Val Leu Ser Arg Ser Met Val Leu  
 125 130 135  
 50  
 ACT GGT GAA GCC AAG ACC GCT GTC GAG AAC TAC CTT ATC GGC TCC 540  
 Thr Gly Glu Ala Lys Thr Ala Val Glu Asn Tyr Leu Ile Gly Ser  
 140 145 150  
 50  
 CCA GTA GTC GAC TCC CAG AAA CTG GTA TAC AGT GAC TTC TCT GAA 585  
 Pro Val Val Asp Ser Gln Lys Leu Val Tyr Ser Asp Phe Ser Glu  
 155 160 165  
 55  
 GCC GCC TGC AAG GTC AAC AAT AGC AAC TGG TCT CAC CCG CAG TTC 630  
 Ala Ala Cys Lys Val Asn Asn Ser Asn Trp Ser His Pro Gln Phe  
 170 175 180  
 60  
 GAA AAA TAG GCT GGC GGC GGC TCT GGT GGT GGT TCT GGC GGC GGC 675  
 Glu Lys Gln Ala Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly  
 185 190 195  
 65  
 TCT GAG GGT GGT GGC TCT GAG GGT GGC GGT TCT GAG GGT GGC GGC 720  
 Ser Glu Gly Gly Gly Ser Glu Gly Gly Gly Ser Glu Gly Gly Gly  
 200 205 210

TCT GAG GGA GGC GGT TCC GGT GGT GGC TCT GGT TCC GGT GAT TTT 765  
 Ser Glu Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Ser Gly Asp Phe  
 215 220 225

5 GAT TAT GAA AAG ATG GCA AAC GCT AAT AAG GGG GCT ATG ACC GAA 810  
 Asp Tyr Glu Lys Met Ala Asn Ala Asn Lys Gly Ala Met Thr Glu  
 230 235 240

10 AAT GCC GAT GAA AAC GCG CTA CAG TCT GAC GCT AAA GGC AAA CTT a55  
 Asn Ala Asp Glu Asn Ala Leu Gln Ser Asp Ala Lys Gly Lys Leu  
 245 250 255

15 GAT TCT GTC GCT ACT GAT TAC GGT GCT GCT ATC GAT GGT TTC ATT 900  
 Asp Ser Val Ala Thr Asp Tyr Gly Ala Ala Ile Asp Gly Phe Ile  
 260 265 270

20 GGT GAC GTT TCC GGC CTT GCT AAT GGT AAT GGT GCT ACT GGT GAT 945  
 Gly Asp Val Ser Gly Leu Ala Asn Gly Asn Gly Ala Thr Gly Asp  
 275 280 285

TTT GCT GGC TCT AAT TCC CAA ATG GCT CAA GTC GGT GAC GGT GAT 990  
 Phe Ala Gly Ser Asn Ser Gln Met Ala Gln Val Gly Asp Gly Asp  
 290 295 300

25 AAT TCA CCT TTA ATG AAT AAT TTC CGT CAA TAT TTA CCT TCC CTC 1035  
 Asn Ser Pro Leu Met Asn Asn Phe Arg Gln Tyr Leu Pro Ser Leu  
 305 310 315

30 CCT CAA TCG GTT GAA TGT CGC CCT TTT GTC TTT GGC GCT GGT AAA 1080  
 Pro Gln Ser Val Glu Cys Arg Pro Phe Val Phe Gly Ala Gly Lys  
 320 325 330

35 CCA TAT GAA TTT TCT ATT GAT TGT GAC AAA ATA AAC TTA TTC CGT 1125  
 Pro Tyr Glu Phe Ser Ile Asp Cys Asp Lys Ile Asn Leu Phe Arg  
 335 340 345

40 GGT GTC TTT GCG TTT CTT TTA TAT GTT GCC ACC TTT ATG TAT GTA 1170  
 Gly Val Phe Ala Phe Leu Leu Tyr Val Ala Thr Phe Met Tyr Val  
 350 355 360

TTT TCT ACG TTT GCT AAC ATA CTG CGT AAT AAG GAG TCT 1209  
 Phe Ser Thr Phe Ala Asn Ile Leu Arg Asn Lys Glu Ser  
 365 370 375

45 TAATAAGCTT 1219

<210> 2  
 <211> 64 Basen  
 50 <212> DNA  
 <213> kunstliche Sequenz

<220>  
 <223> Primer  
 55

<400> 2  
 CCATGGTAAA TGGTGGGAAG TCGCCAAATA CCCCNNKNMS NNSNNKAAGT 50  
 ACGGAAAGTG CGGA 64  
 60

<210> 3



<211> 71 Basen  
<212> DNA  
<213> kunstliche Sequenz

5 <220>  
<223> Primer

<400> 3

10 GGGTAGGCGG TACCTTCSNN AAAGTATTCC TTGCCGTGGA TTACMNGTA 50  
SNNCGAACT TTGACACTCT T 71

<210> 4

15 <211> 74 Basen  
<212> DNA  
<213> kunstliche Sequenz

<220>  
20 <223> Primer

<400> 4

25 CCAAGATTGG AAAGATCTAC CACAGCNNSA CTNNKGGAGG TNNSACCWS 50  
GAGNNKGTAT TCAACGTACT CTCC 74

<210> 5

<211> 78 Basen

30 <212> DNA  
<213> kunstliche Sequenz

<220>  
<223> Primer

35 <400> 5

TCTGGAGAGC ACCCAGACMN NGTCSNNGTG TCCCTTCTTG TCCTCGTCGT 50  
ASNNGCAMN GTATCCGATG ATGTAGTT 78

40 <210> 6  
<211> 36 Basen  
<212> DNA  
<213> kunstliche Sequenz

45 <220>  
<223> Primer

<400> 6

50 CTTCGACTGG TCCCAGTACC ATGGTAAATG GTGGGA 36

<210> 7  
<211> 37 Basen  
<212> DNA  
<213> kunstliche Sequenz

5

<220>  
<223> Primer  
<400> 7

10 CACCAGTAAG GACCATGCTT CTGGAGAGCA CCCAGAC 37

<210> 8  
<211> 46 Basen  
15 <212> DNA  
<213> kunstliche Sequenz

<220>  
<223> synthetischer Oligodesoxynukleotid

20 <400> 8

AGATCTTTCC AATCTTGGAG TCACCAACTG GGTAGGCGGT ACCTTC 46

25 <210> 9  
<211> 793 Basenpaare  
<212> DNA  
<213> Fragment des Plasmids pBBP22

30 <220>  
<221> sig\_peptide  
<222> (22)... (84)

35 <220>  
<221> mat-peptide  
<222> (85)... (783)  
<223> Fusionsprotein aus Bilin-Bindungsprotein, Strep-Tag II und Albumin-  
bindungsdomäne

40 <220>  
<221> CDS  
<222> (85)... (606)  
<223> matures Bilin-Bindungsprotein

45 <220>

<221> CDS  
 <222> (607)...(636)  
 <223> Strep-Tag II Affinitätsanhangsel

5 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (637)...(783)  
 <223> Albumin-Bindungsdomäne aus Protein G

10 <400> 9

```

TCTAGATAAC GAGGGCAAAA A ATG AAA AAG ACA GCT A.TCGCG ATT      45
                        Met Lys Lys Thr Ala Ile Ala Ile
                        -21 -20                        -15

15 GCA GTG GCA CTG GCT GGT TTC GCT ACC GTA GCG CAG GCC GAC GTG   90
   Ala Val Ala  Leu Ala Gly Phe Ala Thr Val Ala Gln Ala Asp Val
                        -10                        -5      -1  1

20 TAC CAC GAC GGT GCC TGT CCC GAA GTC AAG CCA GTC GAC AAC TTC  135
   Tyr His Asp  Gly Ala Cys Pro Glu Val Lys Pro Val Asp Asn Phe
                        5                        10      15

25 GAC TGG TCC CAG TAC CAT GGT AAA TGG TGG GAA GTC GCC AAA TAC  180
   Asp Trp Ser  Gln Tyr His Gly Lys Trp Trp Glu Val Ala Lys Tyr
                        20      25      30

30 CCC AAC TCA GTT GAG AAG TAC GGA AAG TGC GGA TGG GCT GAG TAC  225
   Pro Asn Ser Val Glu Lys Tyr GGA AAG TGC GGA TGG GCT GAG TAC
                        35      40      45

35 ACT CCT GAA GGC AAG AGT GTC AAA GTT TCG AAC TAC CAC GTA ATC  270
   Thr Pro Glu Gly Lys Ser Val Lys Val Ser Asn Tyr His Val Ile
                        50      55      60

40 CAC GGC AAG GAA TAC TTT ATT GAA GGA ACT GCC TAC CCA GTT GGT  315
   His Gly Lys Glu Tyr Phe Ile Glu Gly Thr Ala Tyr Pro Val Gly
                        65      70      75

45 GAC TCC AAG ATT GGA AAG ATC TAC CAC AGC CTG ACT TAC GGA GGT  360
   Asp Ser Lys Ile Gly Lys Ile Tyr His Ser Leu Thr Tyr Gly Gly
                        80      85      90

50 GTC ACC AAG GAG AAC GTA TTC AAC GTA CTC TCC ACT GAC AAC AAG  405
   Val Thr Lys Glu Asn Val Phe Asn Val Leu Ser Thr Asp Asn Lys
                        95      100     105

55 AAC TAC ATC ATC GGA TAC TAC TGC AAA TAC GAC GAG GAC AAG AAG  450
   Asn Tyr Ile Ile Gly Tyr Tyr Cys Lys Tyr Asp Glu Asp Lys Lys
                        110     115     120

60 GGA CAC CAA GAC TTC GTC TGG GTG CTC TCC AGA AGC ATG GTC CTT  495
   Gly His Gln Asp Phe Val Trp Val Leu Ser Arg Ser Met Val Leu
                        125     130     135

65 ACT GGT GAA GCC AAG ACC GCT GTC GAG AAC TAC CTT ATC GGC TCC  540
   Thr Gly Glu Ala Lys Thr Ala Val Glu Asn Tyr Leu Ile Gly Ser
                        140     145     150

70 CCA GTA GTC GAC TCC CAG AAA CTG GTA TAC AGT GAC TTC TCT GAA  585
   Pro Val Val Asp Ser Gln Lys Leu Val Tyr Ser Asp Phe Ser Glu
                        155     160     165

```

GCC GCC TGC AAG GTC AAC AAT AGC AAC TGG TCT CAC CCG CAG TTC 630  
 Ala Ala Cys Lys Val Asn Asn Ser Asn Trp Ser His Pro Gln Phe  
 170 175 180  
 5 GAA AAA CCA GCT AGC CTG GCT GAA GCT AAA GTT CTG GCT AAC CGT 675  
 Glu Lys Pro Ala Ser Leu Ala Glu Ala Lys Val Leu Ala Asn Arg  
 185 190 195  
 10 GAA CTG GAC AAA TAC GGT GTT TCC GAC TAC TAC AAA AAC CTC ATC 720  
 Glu Leu Asp Lys Tyr Gly Val Ser Asp Tyr Tyr Lys Asn Leu Ile  
 200 205 210  
 15 AAC AAC GCT AAA ACC GTT GAA GGT GTT AAA GCT CTG ATC GAC GAA 765  
 Asn Asn Ala Lys Thr Val Glu Gly Val Lys Ala Leu Ile Asp Glu  
 215 220 225  
 ATT CTC GCA GCA CTG CCG TAATAAGCTT 793  
 Ile Leu Ala Ala Leu Pro  
 230  
 20

<210> 10

<211> 17 Basen

<212> DNA

25 <213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Sequenzierprimer

30 <400> 10

GACGGTGCCT GTCCCGA 17

<210> 11

35 <211> 17 Basen

<212> DNA

<213> kunstliche Sequenz

<220>

40 <223> Sequenzierprimer

<400> 11

GACTACTGGG GAGCCGA 17

45

<210> 12

<211> 522 Basen

<212> DNA

<213> codierende Sequenz des Muteins DigA

50

<220>

<221> CDS

<222> (1) ... (522)

<223> Mutein DigA ohne Fusionsanteile

55

<400> 12

5	GAC Asp 1	GTG Val	TAC Tyr	CAC His	GAC Asp 5	GGT Gly	GCC Ala	TGT Cys	CCC Pro	GAA Glu 10	GTC Val	AAG Lys	CCA Pro	GTC Val	GAC Asp 15	45
10	AAC Asn	TTC Phe	GAC Asp	TGG Trp	TCC Ser 20	CAG Gln	TAC Tyr	CAT His	GGT Gly	AAA Lys 25	TGG Trp	TGG Trp	GAA Glu	GTC Val	GCC Ala 30	90
15	AAA Lys	TAC Tyr	CCC Pro	CAT His	CAC His 35	GAG Glu	CGG Arg	AAG Lys	TAC Tyr	GGA Gly 40	AAG Lys	TGC Cys	GGA Gly	TGG Trp	GCT Ala 45	135
20	GAG Glu	TAC Tyr	ACT Thr	CCT Pro	GAA Glu 50	GGC Gly	AAG Lys	AGT Ser	GTC Val	AAA Lys 55	GTT Val	TCG Ser	CGC Arg	TAC Tyr	TCT Ser 60	180
25	GTA Val	ATC Ile	CAC His	GGC Gly	AAG Lys 65	GAA Glu	TAC Tyr	TTT Phe	TCC Ser	GAA Glu 70	GGT Gly	ACC Thr	GCC Ala	TAC Tyr	CCA Pro 75	225
30	GTT Val	GGT Gly	GAC Asp	TCC Ser	AAG Lys 80	ATT Ile	GGA Gly	AAG Lys	ATC Ile	TAC Tyr 85	CAC His	AGC Ser	TAC Tyr	ACT Thr	ATT Ile 90	270
35	GGA Gly	GGT Gly	GTG Val	ACC Thr	CAG Gln 95	GAG Glu	GGT Gly	GTA Val	TTC Phe	AAC Asn 100	GTA Val	CTC Leu	TCC Ser	ACT Thr	GAC Asp 105	315
40	AAC Asn	AAG Lys	AAC Asn	TAC Tyr	ATC Ile 110	ATC Ile	GGA Gly	TAC Tyr	TTT Phe	TGC Cys 115	TCG Ser	TAC Tyr	GAC Asp	GAG Glu	GAC Asp 120	360
45	AAG Lys	AAG Lys	GGA Gly	CAC His	ATG Met 125	GAC Asp	TTG Leu	GTC Val	TGG Trp	GTG Val 130	CTC Leu	TCC Ser	AGA Arg	AGC Ser	ATG Met 135	405
50	GTC Val	CTT Leu	ACT Thr	GGT Gly	GAA Glu 140	GCC Ala	AAG Lys	ACC Thr	GCT Ala	GTC Val 145	GAG Glu	AAC Asn	TAC Tyr	CTT Leu	ATC Ile 150	450
55	GGC Gly	TCC Ser	CCA Pro	GTA Val	GTC Val 155	GAC Asp	TCC Ser	CAG Gln	AAA Lys	CTG Leu 160	GTA Val	TAC Tyr	AGT Ser	GAC Asp	TTC Phe 165	495
60	TCT Ser	GAA Glu	GCC Ala	GCC Ala	TGC Cys 170	AAG Lys	GTC Val	AAC Asn	AAT Asn							522

```

    <210> 13
    <211> 76 Basen
    <212> DNA
55  <213> kunstliche Sequenz

```

<220>  
<223> Primer

60 <400> 13

CTGGTCCCAG TACCATGGTA AATGGTGGNN KGTCGCCNNK TACCCCNNKN 50  
NKNKNKNAAG GTACGGAAAG TGC GGA 76

<210> 14  
 <211> 1219 Basenpaare  
 <212> DNA  
 <213> Fragment des Phasmids pBBP24

5

<220>  
 <221> sig\_peptide  
 <222> (22)...(84)

10

<220>  
 <221> mat\_peptide  
 <222> (85)...(1209)  
 <223> Fusionsprotein aus Bilin-Bindungsprotein, Strep-Tag II und Fragment des  
 Phagen-Bullproteins pIII, mit unterbrochenem Leserahmen

15

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (85)...(606)  
 <223> matures Bilin-Bindungsprotein mit unterbrochenem Leserahmen

20

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (607)...(636)  
 <223> Strep-Tag II Affinitätsanhängsel

25

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (637)...(639)  
 <223> Amber-Stoppcoaon

30

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (640)...(1209)  
 <223> Aminosäuren 217-406 des Hüllproteins pIII

35

<400> 14

TCTAGATAAC GAGGGCAAAA A ATG AAA AAG ACA GCT ATC GCG ATT 45  
 Met Lys Lys Thr Ala Ile Ala Ile  
 -21 -20 -15

40

GCA GTG GCA CTG GCT GGT TTC GCT ACC GTA GCG CAG GCC GAC GTG 90  
 Ala Val Ala Leu Ala Gly Phe Ala Thr Val Ala Gln Ala Asp Val  
 -10 -5 -1 1

45

TAC CAC GAC GGT GCC TGT CCC GAA GTC AAG CCA GTC GAC AAC TTC 135  
 Tyr His Asp Gly Ala Cys Pro Glu Val Lys Pro Val Asp Asn Phe  
 5 10 15

50

GAC TGG TCC CAG TAC CAT GGT AAA TGG TGG GAA GTC GCC AAA TAC 180  
 Asp Trp Ser Gln Tyr His Gly Lys Trp Trp Glu Val Ala Lys Tyr



275                      280                      285  
 TTT GCT GGC TCT AAT TCC CAA ATG GCT CAA GTC GGT GAC GGT GAT 990  
 Phe Ala Gly Ser Asn Ser Gln Met Ala Gln Val Gly Asp Gly Asp  
 290                      295                      300  
 5  
 AAT TCA CCT TTA ATG AAT AAT TTC CGT CAA TAT TTA CCT TCC CTC 1035  
 Asn Ser Pro Leu Met Asn Asn Phe Arg Gln Tyr Leu Pro Ser Leu  
 305                      310                      315  
 10  
 CCT CAA TCG GTT GAA TGT CGC CCT TTT GTC TTT GGC GCT GGT AAA 1080  
 Pro Gln Ser Val Glu Cys Arg Pro Phe Val Phe Gly Ala Gly Lys  
 320                      325                      330  
 15  
 CCA TAT GAA TTT TCT ATT GAT TGT GAC AAA ATA AAC TTA TTC CGT 1125  
 Pro Tyr Glu Phe Ser Ile Asp Cys Asp Lys Ile Asn Leu Phe Arg  
 335                      340                      345  
 20  
 GGT GTC TTT GCG TTT CTT TTA TAT GTT GCC ACC TTT ATG TAT GTA 1170  
 Gly Val Phe Ala Phe Leu Leu Tyr Val Ala Thr Phe Met Tyr Val  
 350                      355                      360  
 TTT TCT ACG TTT GCT AAC ATA CTG CGT AAT AAG GAG TCT 1209  
 Phe Ser Thr Phe Ala Asn Ile Leu Arg Asn Lys Glu Ser  
 365                      370                      375  
 25  
 TAATAAGCTT 1219  
 30  
 <210> 15  
 <211> 522 Basenpaare  
 <212> DNA  
 <213> codierende Sequenz des Muteins DigA16  
 35  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)... (522)  
 <223> Mutein DigA16 ohne Fusionsanteile  
 40  
 <400> 15  
 GAC GTG TAC CAC GAC GGT GCC TGT CCC GAA GTC AAG CCA GTC GAC 45  
 Asp Val Tyr His Asp Gly Ala Cys Pro Glu Val Lys Pro Val Asp  
 1                      5                      10                      15  
 45  
 AAC TTC GAC TGG TCC CAG TAC CAT GGT AAA TGG TGG CAG GTC GCC 90  
 Asn Phe Asp Trp Ser Gln Tyr His Gly Lys Trp Trp Gln Val Ala  
 20                      25                      30  
 50  
 GCG TAC CCC GAT CAT ATT ACG AAG TAC GGA AAG TGC GGA TGG GCT 135  
 Ala Tyr Pro Asp His Ile Thr Lys Tyr Gly Lys Cys Gly Trp Ala  
 35                      40                      45  
 55  
 GAG TAC ACT CCT GAA GGC AAG AGT GTC AAA GTT TCG CGC TAC TCT 180  
 Glu Tyr Thr Pro Glu Gly Lys Ser Val Lys Val Ser Arg Tyr Ser  
 50                      55                      60  
 60  
 GTA ATC CAC GGC AAG GAA TAC TTT TCC GAA GGT ACC GCC TAC CCA 225  
 Val Ile His Gly Lys Glu Tyr Phe Ser Glu Gly Thr Ala Tyr Pro  
 65                      70                      75



```

GTT GGT GAC TCC AAG ATT GGA AAG ATC TAC CAC AGC TAC ACT ATT 270
Val Gly Asp Ser Lys Ile Gly Lys Ile Tyr His Ser Tyr Thr Ile
      80                      85                      90

5   GGA GGT GTG ACC CAG GAG GGT GTA TTC AAC GTA CTC TCC ACT GAC 315
    Gly Gly Val Thr Gln Glu Gly Val Phe Asn Val Leu Ser Thr Asp
      95                      100                      105

10  AAC AAG AAC TAC ATC ATC GGA TAC TTT TGC TCG TAC GAC GAG GAC 360
    Asn Lys Asn Tyr Ile Ile Gly Tyr Phe Cys Ser Tyr Asp Glu Asp
      110                      115                      120

15  AAG AAG GGA CAC ATG GAC TTG GTC TGG GTG CTC TCC AGA AGC ATG 405
    Lys Lys Gly His Met Asp Leu Val Trp Val Leu Ser Arg Ser Met
      125                      130                      135

20  GTC CTT ACT GGT GAA GCC AAG ACC GCT GTC GAG AAC TAC CTT ATC 450
    Val Leu Thr Gly Glu Ala Lys Thr Ala Val Glu Asn Tyr Leu Ile
      140                      145                      150

25  GGC TCC CCA GTA GTC GAC TCC CAG AAA CTG GTA TAC AGT GAC TTC 495
    Gly Ser Pro Val Val Asp Ser Gln Lys Leu Val Tyr Ser Asp Phe
      155                      160                      165

25  TCT GAA GCC GCC TGC AAG GTC AAC AAT                      522
    Ser Glu Ala Ala Cys Lys Val Asn Asn
      170

30  <210> 16
    <211> 1380 Basenpaare
    <212> DNA
    <213> Fragment des Plasmids PB8P21

35  <220>
    <221> sig_peptide
    <222> (22) ... (84)

    <220>
40  <221> mat-peptide
    <222> (85)... (636)
    <223> Fusionsprotein aus Bilin-Bindungsprotein und Strep-Tag II

    <220>
45  <221> sig_peptide
    <222> (658)... (717)

    <220>
    <221> mat-peptide
50  <222> (718) ... (1365)
    <223> DsbC-Protein

    <400> 16

55  TCTAGATAAC GAGGGCAAAA A ATG AAA AAG ACA GCT ATC GCG ATT      45
    Met Lys Lys Thr Ala Ile Ala Ile

```



	20	25	30	
5	ACT AAC AGC GGC GTG TTG TAC ATC ACC GAT GAT GGT AAA CAT ATC 855 Thr Asn Ser Gly Val Leu Tyr Ile Thr Asp Asp Gly Lys His Ile 35 40 45			
10	ATT CAG GGG CCA ATG TAT GAC GTT AGT GGC ACG GCT CCG GTC AAT 900 Ile Gln Gly Pro Met Tyr Asp Val Ser Gly Thr Ala Pro Val Asn 50 55 60			
15	GTC ACC AAT AAG ATG CTG TTA AAG CAG TTG AAT GCG CTT GAA AAA 945 Val Thr Asn Lys Met Leu Leu Lys Gln Leu Asn Ala Leu Glu Lys 65 70 75			
20	GAG ATG ATC GTT TAT AAA GCG CCG CAG GAA AAA CAC GTC ATC ACC 990 Glu Met Ile Val Tyr Lys Ala Pro Gln Glu Lys His Val Ile Thr 80 85 90			
25	GTG TTT ACT GAT ATT ACC TGT GGT TAC TGC CAC AAA CTG CAT GAG 1035 Val Phe Thr Asp Ile Thr Cys Gly Tyr Cys His Lys Leu His Glu 95 100 105			
30	CAA ATG GCA GAC TAC AAC GCG CTG GGG ATC ACC GTG CGT TAT CTT 1080 Gln Met Ala Asp Tyr Asn Ala Leu Gly Ile Thr Val Arg Tyr Leu 110 115 120			
35	GCT TTC CCG CGC CAG GGG CTG GAC AGC GAT GCA GAG AAA GAA ATG 1125 Ala Phe Pro Arg Gln Gly Leu Asp Ser Asp Ala Glu Lys Glu Met 125 130 135			
40	AAA GCT ATC TGG TGT GCG AAA GAT AAA AAC AAA GCG TTT GAT GAT 1170 Lys Ala Ile Trp Cys Ala Lys Asp Lys Asn Lys Ala Phe Asp Asp 140 145 150			
45	GTG ATG GCA GGT AAA AGC GTC GCA CCA GCC AGT TGC GAC GTG GAT 1215 Val Met Ala Gly Lys Ser Val Ala Pro Ala Ser Cys Asp Val Asp 155 160 165			
50	ATT GCC GAC CAT TAC GCA CTT GGC GTC CAG CTT GGC GTT AGC GGT 1260 Ile Ala Asp His Tyr Ala Leu Gly Val Gln Leu Gly Val Ser Gly 170 175 180			
55	ACT CCG GCA GTT GTG CTG AGC AAT GGC ACA CTT GTT CCG GGT TAC 1305 Thr Pro Ala Val Val Leu Ser Asn Gly Thr Leu Val Pro Gly Tyr 185 190 195			
60	CAG CCG CCG AAA GAG ATG AAA GAA TTC CTC GAC GAA CAC CAA AAA 1350 Gln Pro Pro Lys Glu Met Lys Glu Phe Leu Asp Glu His Gln Lys 200 205 210			
	ATG ACC AGC GGT AAA TAATTCGCGT AGCTT 1380 Met Thr Ser Gly Lys 215			
	<210> 17			
	<211> 2009 Basenpaare			
	<212> DNA			
	<213> Fragment des Plasmids PBBP27			
	<220>			
	<221> sig_peptide			
	<222> (23) ... (85)			

```

<220>
<221> mat-peptide
<222> (86)... (1999)
<223> Fusionsprotein aus Alkalischer Phosphatase, Verbindungspeptid Pro-Pro-
5 Ser-Ala, Mutein DigA16 und Strep-Tag II

<220>
<221> CDS
<222> (86)... (1435)
10 <223> maturer Teil der Alkalischen Phosphatase

<220>
<221> CDS
<222> (1436)... (1447)
15 <223> Verbindungspeptid Pro-Pro-Ser-Ala

<220>
<221> CDS
<222> (1448)... (1969)
20 <223> Mutein DigA16

<220>
<221> CDS
<222> (1970)... (1999)
25 <223> Strep-Tag II-Affinitätsanhängsel

<400> 17

30 TCTAGAACAT GGAGAAAATA AA GTG AAA CAA AGC ACT ATT GCA CTG 46
Val Lys Gln Ser Thr Ile Ala Leu
-21 -20 -15

GCA CTC TTA CCG TTA CTG TTT ACC CCT GTG ACA AAA GCC CGG ACA 91
Ala Leu Leu Pro Val Leu Leu Phe Thr Pro Val Thr Lys Ala Arg Thr
-10 -5 -1 1

35 CCA GAA ATG CCT GTT CTG GAA AAC CGG GCT GCT CAG GGC GAT ATT 136
Pro Glu Met Pro Val Leu Glu Asn Arg Ala Ala Gln Gly Asp Ile
5 10 15

40 ACT GCA CCC GGC GGT GCT CGC CGT TTA ACG GGT GAT CAG ACT GCC 181
Thr Ala Pro Gly Gly Ala Arg Arg Leu Thr Gly Asp Gln Thr Ala
20 25 30

45 GCT CTG CGT GAT TCT CTT AGC GAT AAA CCT GCA AAA AAT ATT ATT 226
Ala Leu Arg Asp Ser Leu Ser Asp Lys Pro Ala Lys Asn Ile Ile
35 40 45

50 TTG CTG ATT GGC GAT GGG ATG GGG GAC TCG GAA ATT ACT GCC GCA 271
Leu Leu Ile Gly Asp Gly Met Gly Asp Ser Glu Ile Thr Ala Ala
50 55 60

CGT AAT TAT GCC GAA GGT GCG GGC GGC TTT TTT AAA GGT ATA GAT 316
Arg Asn Tyr Ala Glu Gly Ala Gly Gly Phe Phe Lys Gly Ile Asp
65 70 75

```

GCC TTA CCG CTT ACC GGG CAA TAC ACT CAC TAT GCG CTG AAT AAA 361  
 Ala Leu Pro Leu Thr Gly Gln Tyr Thr His Tyr Ala Leu Asn Lys  
 80 85 90

5 AAA ACC GGC AAA CCG GAC TAC GTC ACC GAC TCG GCT GCA TCA GCA 406  
 Lys Thr Gly Lys Pro Asp Tyr Val Thr Asp Ser Ala Ala Ser Ala  
 95 100 105

10 ACC GCC TGG TCA ACC GGT GTC AAA ACC TAT AAC GGC GCG CTG GGC 451  
 Thr Ala Trp Ser Thr Gly Val Lys Thr Tyr Asn Gly Ala Leu Gly  
 110 115 120

15 GTC GAT ATT CAC GAA AAA GAT CAC CCA ACG ATT CTG GAA ATG GCA 496  
 Val Asp Ile His Glu Lys Asp His Pro Thr Ile Leu Glu Met Ala  
 125 130 135

20 AAA GCC GCA GGT CTG GCG ACC GGT AAC GTT TCT ACC GCA GAG TTG 541  
 Lys Ala Ala Gly Leu Ala Thr Gly Asn Val Ser Thr Ala Glu Leu  
 140 145 150

CAG GAT GCC ACG CCC GCT GCG CTG GTG GCA CAT GTG ACC TCG CGC 586  
 Gln Asp Ala Thr Pro Ala Ala Leu Val Ala His Val Thr Ser Arg  
 155 160 165

25 AAA TGC TAC GGT CCG AGC GCG ACC AGT GAA AAA TGT CCG GGT AAC 631  
 Lys Cys Tyr Gly Pro Ser Ala Thr Ser Glu Lys Cys Pro Gly Asn  
 170 175 180

30 GCT CTG GAA AAA GGC GGA AAA GGA TCG ATT ACC GAA CAG CTG CTT 676  
 Ala Leu Glu Lys Gly Gly Lys Gly Ser Ile Thr Glu Gln Leu Leu  
 185 190 195

35 AAC GCT CGT GCC GAC GTT ACG CTT GGC GGC GGC GCA AAA ACC TTT 721  
 Asn Ala Arg Ala Asp Val Thr Leu Gly Gly Gly Ala Lys Thr Phe  
 200 205 210

GCT GAA ACG GCA ACC GCT GGT GAA TGG CAG GGA AAA ACG CTG CGT 766  
 Ala Glu Thr Ala Thr Ala Gly Glu Trp Gln Gly Lys Thr Leu Arg  
 215 220 225

40 GAA CAG GCA CAG GCG CGT GGT TAT CAG TTG GTG AGC GAT GCT GCC 811  
 Glu Gln Ala Gln Ala Arg Gly Tyr Gln Leu Val Ser Asp Ala Ala  
 230 235 240

45 TCA CTG AAT TCG GTG ACG GAA GCG AAT CAG CAA AAA CCC CTG CTT 856  
 Ser Leu Asn Ser Val Thr Glu Ala Asn Gln Gln Lys Pro Leu Leu  
 245 250 255

50 GGC CTG TTT GCT GAC GGC AAT ATG CCA GTG CGC TGG CTA GGA CCG 901  
 Gly Leu Phe Ala Asp Gly Asn Met Pro Val Arg Trp Leu Gly Pro  
 260 265 270

55 AAA GCA ACG TAC CAT GGC AAT ATC GAT AAG CCC GCA GTC ACC TGT 946  
 Lys Ala Thr Tyr His Gly Asn Ile Asp Lys Pro Ala Val Thr Cys  
 275 280 285

ACG CCA AAT CCG CAA CGT AAT GAC AGT GTA CCA ACC CTG GCG CAG 991  
 Thr Pro Asn Pro Gln Arg Asn Asp Ser Val Pro Thr Leu Ala Gln  
 290 295 300

60 ATG ACC GAC AAA GCC ATT GAA TTG TTG AGT AAA AAT GAG AAA GGC 1036  
 Met Thr Asp Lys Ala Ile Glu Leu Leu Ser Lys Asn Glu Lys Gly  
 305 310 315

65 TTT TTC CTG CAA GTT GAA GGT GCG TCA ATC GAT AAA CAG GAT CAT 1081  
 Phe Phe Leu Gln Val Glu Gly Ala Ser Ile Asp Lys Gln Asp His  
 320 325 330

GCT GCG AAT CCT TGT GGG CAA ATT GGC GAG ACG GTC GAT CTC GAT 1126  
 Ala Ala Asn Pro Cys Gly Gln Ile Gly Glu Thr Val Asp Leu Asp  
 335 340 345

5 GAA GCC GTA CAA CGG GCG CTG GAA TTC GCT AAA AAG GAG GGT AAC 1171  
 Glu Ala Val Gln Arg Ala Leu Glu Phe Ala Lys Lys Glu Gly Asn  
 350 355 360

10 ACG CTG GTC ATA GTC ACC GCT GAT CAC GCC CAC GCC AGC CAG ATT 1216  
 Thr Leu Val Ile Val Thr Ala Asp His Ala His Ala Ser Gln Ile  
 365 370 375

15 GTT GCG CCG GAT ACC AAA GCT CCG GGC CTC ACC CAG GCG CTA AAT 1261  
 Val Ala Pro Asp Thr Lys Ala Pro Gly Leu Thr Gln Ala Leu Asn  
 380 385 390

20 ACC AAA GAT GGC GCA GTG ATG GTG ATG AGT TAC GGG AAC TCC GAA 1306  
 Thr Lys Asp Gly Ala Val Met Val Met Ser Tyr Gly Asn Ser Glu  
 395 400 405

GAG GAT TCA CAA GAA CAT ACC GGC AGT CAG TTG CGT ATT GCG GCG 1351  
 Glu Asp Ser Gln Glu His Thr Gly Ser Gln Leu Arg Ile Ala Ala  
 410 415 420

25 TAT GGC CCG CAT GCC GCC AAT GTT GTT GGA CTG ACC GAC CAG ACC 1396  
 Tyr Gly Pro His Ala Ala Asn Val Val Gly Leu Thr Asp Gln Thr  
 425 430 435

30 GAT CTC TTC TAC ACC ATG AAA GCC GCT CTG GGG CTG AAA CCG CCT 1441  
 Asp Leu Phe Tyr Thr Met Lys Ala Ala Leu Gly Leu Lys Pro Pro  
 440 445 450

35 AGC GCT GAC GTG TAC CAC GAC GGT GCC TGT CCC GAA GTC AAG CCA 1486  
 Ser Ala Asp Val Tyr His Asp Gly Ala Cys Pro Glu Val Lys Pro  
 455 460 465

GTC GAC AAC TTC GAC TGG TCC CAG TAC CAT GGT AAA TGG TGG CAG 1531  
 Val Asp Asn Phe Asp Trp Ser Gln Tyr His Gly Lys Trp Trp Gln  
 470 475 480

40 GTC GCC GCG TAC CCC GAT CAT ATT ACG AAG TAC GGA AAG TGC GGA 1576  
 Val Ala Ala Tyr Pro Asp His Ile Thr Lys Tyr Gly Lys Cys Gly  
 485 490 495

45 TGG GCT GAG TAC ACT CCT GAA GGC AAG AGT GTC AAA GTT TCG CGC 1621  
 Trp Ala Glu Tyr Thr Pro Glu Gly Lys Ser Val Lys Val Ser Arg  
 500 505 510

50 TAC TCT GTA ATC CAC GGC AAG GAA TAC TTT TCC GAA GGT ACC GCC 1666  
 Tyr Ser Val Ile His Gly Lys Glu Tyr Phe Ser Glu Gly Thr Ala  
 515 520 525

55 TAC CCA GTT GGT GAC TCC AAG ATT GGA AAG ATC TAC CAC AGC TAC 1711  
 Tyr Pro Val Gly Asp Ser Lys Ile Gly Lys Ile Tyr His Ser Tyr  
 530 535 540

60 ACT ATT GGA GGT GTG ACC CAG GAG GGT GTA TTC AAC GTA CTC TCC 1756  
 Thr Ile Gly Gly Val Thr Gln Glu Gly Val Phe Asn Val Leu Ser  
 545 550 555

ACT GAC AAC AAG AAC TAC ATC ATC GGA TAC TTT TGC TCG TAC GAC 1801  
 Thr Asp Asn Lys Asn Tyr Ile Ile Gly Tyr Phe Cys Ser Tyr Asp  
 560 565 570

65 GAG GAC AAG AAG GGA CAC ATG GAC TTG GTC TGG GTG CTC TCC AGA 1846  
 Glu Asp Lys Lys Gly His Met Asp Leu Val Trp Val Leu Ser Arg  
 575 580 585

```

AGC ATG GTC CTT ACT GGT GAA GCC AAG ACC GCT GTC GAG AAC TAC 1891
Ser Met Val Leu Thr Gly Glu Ala Lys Thr Ala Val Glu Asn Tyr
      590                      595                      600

5  CTT ATC GGC TCC CCA GTA GTC GAC TCC CAG AAA`CTG GTA TAC AGT 1936
Leu Ile Gly Ser Pro Val Val Asp Ser Gln Lys Leu Val Tyr Ser
      605                      610                      615

10 GAC TTC TCT GAA GCC GCC TGC AAG GTC AAC AAT AGC AAC TGG TCT 1981
Asp Phe Ser Glu Ala Ala Cys Lys Val Asn Asn Ser Asn Trp Ser
      620                      625                      630

CAC CCG CAG TTC GAA AAA TAATAAGCTT                                2009
His Pro Gln Phe Glu Lys
15      635

<210> 18
<211> 2005 Basenpaare
20 <212> DNA
    <213> Fragment des Plasmids PBBP29

<220>
<221> sig_peptid
25 <222> (22)...(84)

<220>
<221> mat-peptide
<222> (85)...(1998)
30 <223> Fusionsprotein aus Mutein DigA16, Strep-Tag II, Verbindungspeptid
    Gly(5) und Alkalischer Phosphatase

<220>
<221> CDS
35 <222> (85)...(606)
    <223> Mutein DigA16

<220>
<221> CDS
40 <222> (607)...(636)
    <223> Strep-Tag II Affinitatsanhangsel

<220>
<221> CDS
45 <222> (637)...(651)
    <223> Verbindungspeptid Gly-Gly-Gly-Gly-Gly

<220>
<221> CDS
50 <222> (652)...(1998)
    <223> Alkalische Phosphatase ohne Signalsequenz und N-terminales Arg

```

&lt;400&gt; 18

TCTAGATAAC GAGGGCAAAA A ATG AAA AAG ACA GCT ATC GCG ATT 45  
 Met Lys Lys Thr Ala Ile Ala Ile  
 -21 -20 -15  
 5  
 GCA GTG GCA CTG GCT GGT TTC GCT ACC GTA GCG CAG GCC GAC GTG 90  
 Ala Val Ala Leu Ala Gly Phe Ala Thr Val Ala Gln Ala Asp Val  
 -10 -5 -1 1  
 10  
 TAC CAC GAC GGT GCC TGT CCC GAA GTC AAG CCA GTC GAC AAC TTC 135  
 Tyr His Asp Gly Ala Cys Pro Glu Val Lys Pro Val Asp Asn Phe  
 5 10 15  
 15  
 GAC TGG TCC CAG TAC CAT GGT AAA TGG TGG CAG GTC GCC GCG TAC 180  
 Asp Trp Ser Gln Tyr His Gly Lys Trp Trp Gln Val Ala Ala Tyr  
 20 25 30  
 20  
 CCC GAT CAT ATT ACG AAG TAC GGA AAG TGC GGA TGG GCT GAG TAC 225  
 Pro Asp His Ile Thr Lys Tyr Gly Lys Cys Gly Trp Ala Glu Tyr  
 35 40 45  
 25  
 ACT CCT GAA GGC AAG AGT GTC AAA GTT TCG CGC TAC TCT GTA ATC 270  
 Thr Pro Glu Gly Lys Ser Val Lys Val Ser Arg Tyr Ser Val Ile  
 50 55 60  
 30  
 CAC GGC AAG GAA TAC TTT TCC GAA GGT ACC GCC TAC CCA GTT GGT 315  
 His Gly Lys Glu Tyr Phe Ser Glu Gly Thr Ala Tyr Pro Val Gly  
 65 70 75  
 35  
 GAC TCC AAG ATT GGA AAG ATC TAC CAC AGC TAC ACT ATT GGA GGT 360  
 Asp Ser Lys Ile Gly Lys Ile Tyr His Ser Tyr Thr Ile Gly Gly  
 80 85 90  
 40  
 GTG ACC CAG GAG GGT GTA TTC AAC GTA CTC TCC ACT GAC AAC AAG 405  
 Val Thr Gln Glu Gly Val Phe Asn Val Leu Ser Thr Asp Asn Lys  
 95 100 105  
 45  
 AAC TAC ATC ATC GGA TAC TTT TGC TCG TAC GAC GAG GAC AAG AAG 450  
 Asn Tyr Ile Ile Gly Tyr Phe Cys Ser Tyr Asp Glu Asp Lys Lys  
 110 115 120  
 50  
 GGA CAC ATG GAC TTG GTC TGG GTG CTC TCC AGA AGC ATG GTC CTT 495  
 Gly His Met Asp Leu Val Trp Val Leu Ser Arg Ser Met Val Leu  
 125 130 135  
 55  
 ACT GGT GAA GCC AAG ACC GCT GTC GAG AAC TAC CTT ATC GGC TCC 540  
 Thr Gly Glu Ala Lys Thr Ala Val Glu Asn Tyr Leu Ile Gly Ser  
 140 145 150  
 60  
 CCA GTA GTC GAC TCC CAG AAA CTG GTA TAC AGT GAC TTC TCT GAA 585  
 Pro Val Val Asp Ser Gln Lys Leu Val Tyr Ser Asp Phe Ser Glu  
 155 160 165  
 65  
 GCC GCC TGC AAG GTC AAC AAT AGC AAC TGG TCT CAC CCG CAG TTC 630  
 Ala Ala Cys Lys Val Asn Asn Ser Asn Trp Ser His Pro Gln Phe  
 170 175 180  
 70  
 GAA AAA GGT GGC GGC GGT GGT ACA CCA GAA ATG CCT GTT CTG GAA 675  
 Glu Lys Gly Gly Gly Gly Gly Thr Pro Glu Met Pro Val Leu Glu  
 185 190 195  
 75  
 AAC CGG GCT GCT CAG GGC GAT ATT ACT GCA CCC GGC GGT GCT CGC 720  
 Asn Arg Ala Ala Gln Gly Asp Ile Thr Ala Pro Gly Gly Ala Arg  
 200 205 210  
 80  
 CGT TTA ACG GGT GAT CAG ACT GCC GCT CTG CGT GAT TCT CTT AGC 765  
 Arg Leu Thr Gly Asp Gln Thr Ala Ala Leu Arg Asp Ser Leu Ser



	215	220	225	
	GAT AAA CCT GCA AAA AAT ATT ATT TTG CTG ATT GGC GAT GGG ATG 810			
5	Asp Lys Pro Ala Lys Asn Ile Ile Leu Leu Ile Gly Asp Gly Met			
	230	235	240	
	GGG GAC TCG GAA ATT ACT GCC GCA CGT AAT TAT GCC GAA GGT GCG 855			
	Gly Asp Ser Glu Ile Thr Ala Ala Arg Asn Tyr Ala Glu Gly Ala			
10	245	250	255	
	GGC GGC TTT TTT AAA GGT ATA GAT GCC TTA CCG CTT ACC GGG CAA 900			
	Gly Gly Phe Phe Lys Gly Ile Asp Ala Leu Pro Leu Thr Gly Gln			
	260	265	270	
15	TAC ACT CAC TAT GCG CTG AAT AAA AAA ACC GGC AAA CCG GAC TAC 945			
	Tyr Thr His Tyr Ala Leu Asn Lys Lys Thr Gly Lys Pro Asp Tyr			
	275	280	285	
20	GTC ACC GAC TCG GCT GCA TCA GCA ACC GCC TGG TCA ACC GGT GTC 990			
	Val Thr Asp Ser Ala Ala Ser Ala Thr Ala Trp Ser Thr Gly Val			
	290	295	300	
	AAA ACC TAT AAC GGC GCG CTG GGC GTC GAT ATT CAC GAA AAA GAT 1035			
25	Lys Thr Tyr Asn Gly Ala Leu Gly Val Asp Ile His Glu Lys Asp			
	305	310	315	
	CAC CCA ACG ATT CTG GAA ATG GCA AAA GCC GCA GGT CTG GCG ACC 1080			
	His Pro Thr Ile Leu Glu Met Ala Lys Ala Ala Gly Leu Ala Thr			
30	320	325	330	
	GGT AAC GTT TCT ACC GCA GAG TTG CAG GAT GCC ACG CCC GCT GCG 1125			
	Gly Asn Val Ser Thr Ala Glu Leu Gln Asp Ala Thr Pro Ala Ala			
	335	340	345	
35	CTG GTG GCA CAT GTG ACC TCG CGC AAA TGC TAC GGT CCG AGC GCG 1170			
	Leu Val Ala His Val Thr Ser Arg Lys Cys Tyr Gly Pro Ser Ala			
	350	355	360	
40	ACC AGT GAA AAA TGT CCG GGT AAC GCT CTG GAA AAA GGC GGA AAA 1215			
	Thr Ser Glu Lys Cys Pro Gly Asn Ala Leu Glu Lys Gly Gly Lys			
	365	370	375	
	GGA TCG ATT ACC GAA CAG CTG CTT AAC GCT CGT GCC GAC GTT ACG 1260			
45	Gly Ser Ile Thr Glu Gln Leu Leu Asn Ala Arg Ala Asp Val Thr			
	380	385	390	
	CTT GGC GGC GGC GCA AAA ACC TTT GCT GAA ACG GCA ACC GCT GGT 1305			
	Leu Gly Gly Gly Ala Lys Thr Phe Ala Glu Thr Ala Thr Ala Gly			
50	395	400	405	
	GAA TGG CAG GGA AAA ACG CTG CGT GAA CAG GCA CAG GCG CGT GGT 1350			
	Glu Trp Gln Gly Lys Thr Leu Arg Glu Gln Ala Gln Ala Arg Gly			
	410	415	420	
55	TAT CAG TTG GTG AGC GAT GCT GCC TCA CTG AAT TCG GTG ACG GAA 1395			
	Tyr Gln Leu Val Ser Asp Ala Ala Ser Leu Asn Ser Val Thr Glu			
	425	430	435	
60	GCG AAT CAG CAA AAA CCC CTG CTT GGC CTG TTT GCT GAC GGC AAT 1440			
	Ala Asn Gln Gln Lys Pro Leu Leu Gly Leu Phe Ala Asp Gly Asn			
	440	445	450	
	ATG CCA GTG CGC TGG CTA GGA CCG AAA GCA ACG TAC CAT GGC AAT 1485			
65	Met Pro Val Arg Trp Leu Gly Pro Lys Ala Thr Tyr His Gly Asn			
	455	460	465	
	ATC GAT AAG CCC GCA GTC ACC TGT ACG CCA AAT CCG CAA CGT AAT 1530			
	Ile Asp Lys Pro Ala Val Thr Cys Thr Pro Asn Pro Gln Arg Asn			

	470	475	480	
5	GAC AGT GTA CCA ACC CTG GCG Asp Ser Val Pro Thr Leu Ala	CAG ATG ACC GAC AAA Gln Met Thr Asp Lys	GCC ATT GAA Ala Ile Glu	1575
	485	490	495	
10	TTG TTG AGT AAA AAT GAG AAA Leu Leu Ser Lys Asn Glu Lys	GGC TTT TTC CTG CAA Gly Phe Phe Leu Gln	GTT GAA GGT Val Glu Gly	1620
	500	505	510	
15	GCG TCA ATC GAT AAA CAG GAT Ala Ser Ile Asp Lys Gln Asp	CAT GCT GCG AAT CCT TGT GGG CAA His Ala Ala Asn Pro Cys Gly Gln		1665
	515	520	525	
20	ATT GGC GAG ACG GTC GAT CTC Ile Gly Glu Thr Val Asp Leu	GAT GAA GCC GTA CAA CGG GCG CTG Asp Glu Ala Val Gln Arg Ala Leu		1710
	530	535	540	
25	GAA TTC GCT AAA AAG GAG GGT AAC ACG CTG GTC ATA GTC ACC GCT Glu Phe Ala Lys Lys Glu Gly Asn Thr Leu Val Ile Val Thr Ala			1755
	545	550	555	
30	GAT CAC GCC CAC GCC AGC CAG AAT GTT GCG CCG GAT ACC AAA GCT Asp His Ala His Ala Ser Gln Ile Val Ala Pro Asp Thr Lys Ala			1800
	560	565	570	
35	CCG GGC CTC ACC CAG GCG CTA AAT ACC AAA GAT GGC GCA GTG ATG Pro Gly Leu Thr Gln Ala Leu Asn Thr Lys Asp Gly Ala Val Met			1845
	575	580	585	
40	GTG ATG AGT TAC GGG AAC TCC GAA GAG GAT TCA CAA GAA CAT ACC Val Met Ser Tyr Gly Asn Ser Glu Glu Asp Ser Gln Glu His Thr			1890
	590	595	600	
45	GGC AGT CAG TTG CGT ATT GCG GCG TAT GGC CCG CAT GCC GCC AAT Gly Ser Gln Leu Arg Ile Ala Ala Tyr Gly Pro His Ala Ala Asn			1935
	605	610	615	
50	GTT GTT GGA CTG ACC GAC CAG ACC GAT CTC TTC TAC ACC ATG AAA Val Val Gly Leu Thr Asp Gln Thr Asp Leu Phe Tyr Thr Met Lys			1980
	620	625	630	
55	GCC GCT CTG GGG CTG AAA TAAGCTT Ala Ala Leu Gly Leu Lys			2005
	635			

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No  
PCT/DE 00/01873

CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER  
PC 7 C12N15/12 C07K14/435 C12N15/62

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

PC 7 C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

STRAND, EPO-Internal, BIOSIS, PAJ, WPI Data

## DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
------------	--	-----------------------

A	<p>BESTE GERALD ET AL: "Small antibody-like proteins with prescribed ligand specificities derived from the lipocalin fold." PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES, vol. 96, no. 5, 2 March 1999 (1999-03-02) pages 1898-1903, XP002150337 March 2, 1999 ISSN: 0027-8424 page 1903, left column; fourth paragraph ---</p> <p>WO 99 16873 A (SCHMIDT FRANK ;SKERRA ARNE (DE); BESTE GERALD (DE); STIBORA THOMAS) 8 April 1999 (1999-04-08) pages 5-15,39, claims ---</p>	
---	---	--

-/--

☒

Date of the actual completion of the international search

18 October 2000

Date of mailing of the International search report

30/10/2000

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Holtorf, S

Category *	Location of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
	<p>FLOWER D: "The lipocalin protein family: structure and function" BIOCHEMICAL JOURNAL, GB, PORTLAND PRESS, LONDON, vol. 318, 1996, pages 1-14, XP002095126 ISSN: 0264-6021 page 6, left column; Fig. 4e); Table 2; ---</p> <p>SCHMIDT FRANK S ET AL: "The bilin-binding protein of Pieris brassicae cDNA sequence and regulation of expression reveal distinct features of this insect pigment protein." EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY, vol. 219, no. 3, 1994, pages 855-863, XP002095123 ISSN: 0014-2956 cited in the application figure 1 ---</p> <p>WO 89 06698 A (BOEHRINGER MANNHEIM GMBH) 27 July 1989 (1989-07-27) example 21 ---</p> <p>EP 0 835 934 A (INST BIOANALYTIK GMBH) 15 April 1998 (1998-04-15) the whole document ---</p> <p>SCHLEHUBER STEFFEN ET AL: "A novel type of receptor protein, based on the lipocalin scaffold, with specificity for digoxigenin." JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY, vol. 297, no. 5, 14 April 2000 (2000-04-14), pages 1105-1120, XP002150338 ISSN: 0022-2836 the whole document -----</p>	<p>1-17</p>

Patent document cited in search report				Publication date		Patent family member(s)		Publication date	
WO 8906698				A		27-07-1989			
				DE		3813278		A	
				AT		87665		T	
				DE		58903898		D	
				EP		0324474		A	
				ES		2054883		T	
				HK		116996		A	
				JP		7031194		B	
				JP		1503647		T	
				US		5702888		A	
				US		5344757		A	
EP 0835934				A		15-04-1998			
				DE		19641876		A	
								16-04-1998	

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 00/01873

## KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

PK 7 C12N15/12 C07K14/435 C12N15/62

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

## 1 RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

PK 7 C07K

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

STRAND, EPO-Internal, BIOSIS, PAJ, WPI Data

## 2. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	BESTE GERALD ET AL: "Small antibody-like proteins with prescribed ligand specificities derived from the lipocalin fold." PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES, Bd. 96, Nr. 5, 2. März 1999 (1999-03-02), Seiten 1898-1903, XP002150337 March 2, 1999 ISSN: 0027-8424 page 1903, left column; fourth paragraph ---	
A	WO 99 16873 A (SCHMIDT FRANK ;SKERRA ARNE (DE); BESTE GERALD (DE); STIBORA THOMAS) 8. April 1999 (1999-04-08) pages 5-15,39, claims --- -/--	

☒ X

von

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

18. Oktober 2000

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

30/10/2000

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde  
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 eponl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Holtorf, S

egone"	zeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	str. Anspruch Nr.
,X	<p>FLOWER D: "The lipocalin protein family: structure and function"          BIOCHEMICAL JOURNAL, GB, PORTLAND PRESS, LONDON,          Bd. 318, 1996, Seiten 1-14, XP002095126          ISSN: 0264-6021          page 6 , left column; Fig. 4e); Table 2;</p> <p>SCHMIDT FRANK S ET AL: "The bilin-binding protein of Pieris brassicae cDNA sequence and regulation of expression reveal distinct features of this insect pigment protein."          EUROPEAN JOURNAL OF BIOCHEMISTRY,          Bd. 219, Nr. 3, 1994, Seiten 855-863,          XP002095123          ISSN: 0014-2956          in der Anmeldung erwähnt          Abbildung 1          ---</p> <p>WO 89 06698 A (BOEHRINGER MANNHEIM GMBH)          27. Juli 1989 (1989-07-27)          Beispiel 21          ---</p> <p>EP 0 835 934 A (INST BIOANALYTIK GMBH)          15. April 1998 (1998-04-15)          das ganze Dokument          ---</p> <p>SCHLEHUBER STEFFEN ET AL: "A novel type of receptor protein, based on the lipocalin scaffold, with specificity for digoxigenin."          JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY,          Bd. 297, Nr. 5,          14. April 2000 (2000-04-14), Seiten          1105-1120, XP002150338          ISSN: 0022-2836          das ganze Dokument          -----</p>	1-17

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichung, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 00/01873

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9916873 A	08-04-1999	DE 19742706 A AU 1143799 A EP 1017814 A	15-04-1999 23-04-1999 12-07-2000
WO 8906698 A	27-07-1989	DE 3813278 A AT 87665 T DE 58903898 D EP 0324474 A ES 2054883 T HK 116996 A JP 7031194 B JP 1503647 T US 5702888 A US 5344757 A	20-07-1989 15-04-1993 06-05-1993 19-07-1989 16-08-1994 12-07-1996 10-04-1995 07-12-1989 30-12-1997 06-09-1994
EP 0835934 A	15-04-1998	DE 19641876 A	16-04-1998